

GTCGACCCACGCGTCCGGGAGCGCGGCTAAGAGTGCCCGCACCGCCTCACAACCTGGGAACCGGAGAGTAGGGCCGTC	79
GGCTGGCAAGAACCCCGCGTGCCTCCTCGGCAAGGGCCATCCGGTGCCACCCATGTGCTGCTAGACAGAAAGAGGGTGA	158
<div style="text-align: center;"> M T W L V </div>	
GTCCTGAACTGCAACCTGCACAGAGCTGCTCTGTACTGTCCCTGGTGGTCCCGCC ATG ACC TGG TTG GTG	5 229
L L G T L L C M L R V G L G T P D S E G	25
CTG CTG GGG ACA CTG CTC TGC ATG CTG CGC GTT GGG TTA GGC ACC CCG GAC TCC GAG GGT	289
F P P R A L H N C P Y K C I C A A D L L	45
TTC CCG CCC CGT GCG CTC CAC AAC TGC CCC TAC AAA TGT ATC TGC GCT GCC GAC CTG CTA	349
S C T G L G L Q D V P A E L P A A T A D	65
AGC TGC ACT GGC CTA GGG CTG CAG GAC GAC GTG CCA GCC GAG TTA CCT GCC GCT ACT GCG GAC	409
L D L S H N A L Q R L R P G W L A P L F	85
CTC GAC CTG AGC CAC AAC GCG CTC CAG CGC CTG CGC CCC GGC TGG TTG GCG CCC CTC TTC	469
Q L R A L H L D H N E L D A L G R G V F	105
CAG CTG CGC GCC CTG CAC CTA GAC CAC AAC GAA CTA GAT GCG CTG GGT CGC GGC GTC TTC	529
V N A S G L R L L D L S S N T L R A L G	125
GTC AAC GCC AGC GGC CTG AGG CTG CTC GAT CTA TCA TCT AAC ACG TTG CGG GCG CTT GGC	589

Fig. 1A

R	H	D	L	D	G	L	G	A	L	E	K	L	L	L	F	N	N	R	L	145
CGC	CAC	GAC	CTC	GAC	GGG	CTG	GGG	GCG	CTG	GAG	AAG	CTG	CTT	CTG	TTC	AAT	AAC	CGC	TTG	649
V	H	L	D	E	H	A	F	H	G	L	R	A	L	S	H	L	Y	L	G	165
GTG	CAC	TTG	GAC	GAG	CAT	GCC	TTC	CAC	GGC	CTG	CGC	GCG	CTC	AGC	CAT	CTC	TAC	CTG	GCG	709
C	N	E	L	A	S	F	S	F	D	H	L	H	G	L	S	A	T	H	L	185
TGC	AAC	GAA	CTC	GCC	TCG	TTC	TCC	TTC	GAC	CAC	CTG	CAC	GGT	CTG	AGC	GCC	ACC	CAC	CTG	769
L	T	L	D	L	S	S	N	R	L	G	H	I	S	V	P	E	L	A	A	205
CTT	ACT	CTG	GAC	CTC	TCC	TCC	AAC	GCG	CTG	GGA	CAC	ATC	TCC	GTA	CCT	GAG	CTG	GCC	GCG	829
L	P	A	F	L	K	N	G	L	Y	L	H	N	N	P	L	P	C	D	C	225
CTG	CCG	GCC	TTT	CTC	AAG	AAC	GGC	CTC	TAC	TTG	CAC	AAC	AAC	CCT	TTG	CCT	TGC	GAC	TGC	889
R	L	Y	H	L	L	Q	R	W	H	Q	R	G	L	S	A	V	R	D	F	245
CGC	CTC	TAC	CAC	CTG	CTA	CAG	CGC	TGG	CAC	CAG	CGG	GGC	CTG	AGC	GCC	GTG	CGC	GAC	TTT	949
A	R	E	Y	V	C	L	A	F	K	V	P	A	S	R	V	R	F	F	Q	265
GCG	CGC	GAG	TAC	GTA	TGC	TTG	GCC	TTC	AAG	GTA	CCC	GCG	TCC	CGC	GTG	CGC	TTC	TTC	CAG	1009
H	S	R	V	F	E	N	C	S	S	A	P	A	L	G	L	K	R	P	E	285
CAC	AGC	CGC	GTC	TTT	GAG	AAC	TGC	TCG	TCG	GCC	CCA	GCT	CTT	GGC	CTA	AAG	CGG	CCG	GAA	1069

Fig. 1B

E	H	L	Y	A	L	V	G	R	S	L	R	L	Y	C	N	T	S	V	P	305
GAG	CAC	CTG	TAC	GCG	CTG	GTG	GGT	CGG	TCC	CTG	AGG	CTT	TAC	TGC	AAC	ACC	AGC	GTC	CCG	1129
A	M	R	I	A	W	V	S	P	Q	Q	E	L	L	R	A	P	G	S	R	325
GCC	ATG	CGC	ATT	GCC	TGG	GTT	TCG	CCG	CAG	CAG	GAG	CTT	CTC	AGG	GCG	CCA	GGA	TCC	CGC	1189
D	G	S	I	A	V	L	A	D	G	S	L	A	I	G	N	V	Q	E	Q	345
GAT	GGC	AGC	ATC	GCG	GTG	CTG	GCC	GAC	GGC	AGC	TTG	GCC	ATA	GGC	AAC	GTA	CAG	GAG	CAG	1249
H	A	G	L	F	V	C	L	A	T	G	P	R	L	H	H	N	Q	T	H	365
CAT	GCG	GGA	CTC	TTC	GTG	TGC	CTG	GCC	ACT	GGG	CCC	CGC	CTG	CAC	CAC	AAC	CAG	ACG	CAC	1309
E	Y	N	V	S	V	H	F	P	R	P	E	P	E	A	F	N	T	G	F	385
GAG	TAC	AAC	GTG	AGC	GTG	CAC	TTT	CCG	CGC	CCA	GAG	CCC	GAG	GCT	TTC	AAC	ACA	GGC	TTC	1369
T	T	L	L	G	C	A	V	G	L	V	L	V	L	L	Y	L	F	A	P	405
ACC	ACA	CTG	CTG	GGC	TGT	GCC	GTG	GGC	CTT	GTG	CTC	GTG	CTG	CTC	TAC	CTG	TTC	GCC	CCA	1429
P	C	R	C	C	R	A	C	P	P	L	P	P	L	A	P	N	T	Q	P	425
CCC	TGC	CGC	TGC	TGC	CGC	CGT	GCC	TGC	CCG	CTG	CCG	CCG	CTG	GCC	CCA	AAC	ACC	CAG	CCC	1489
A	P	R	A	E	P	H	K	S	S	V	L	S	T	T	P	P	D	A	P	445
GCT	CCA	AGA	GCT	GAG	CCG	CAC	AAG	TCC	TCA	GTA	CTC	AGC	ACC	ACA	CCG	CCA	GAC	GCA	CCC	1549

Fig. 1C

S	P	Q	G	Q	A	S	T	S	T	*																															
AGC	CCG	CAA	GGC	CAA	GCG	TCC	ACA	AGC	ACG	TAG	456																														
											1582																														
TC	TT	CT	GG	AG	CC	AG	CG	CG	CG	CT	CA	AT	GG	CC	CG	GT	GC	AG	CT	GG	CA	GT	AG	CT	GG	AA	TT	CG	AT	CT	CT	ACA	AAC	1661							
CT	GG	AG	CG	CT	GC	AG	CT	GA	AG	GT	GG	CT	CT	GC	AG	CT	CC	CA	TAG	GG	CT	CC	AG	GG	TC	CC	AT	GA	CA	AA	CC	TAG	ACT	GC	1740						
CAG	GG	CT	CCCC	CA	CC	AG	GG	CCCC	CA	CC	CT	CT	TG	CT	GC	TC	GC	CC	CT	GC	TC	CC	CT	GC	TC	CG	TC	CA	GA	AA	CT	GG	CA	GAT	ACT	1819					
GG	TG	GA	AG	CA	CT	GT	GC	CT	GG	CC	CC	CC	AG	CT	TC	CT	GT	AT	GG	CC	TC	GA	AA	CA	CA	AT	GG	CC	TT	CT	CG	CT	CA	CT	GG	TAG	1898				
GAC	AG	GG	TT	GT	GG	T	CCCC	CA	AC	CT	GC	CT	TC	TC	GT	CT	GC	CC	CT	GC	AC	AG	GA	CCCC	AA	AG	GG	CCCC	AG	GG	CC	TC	GA	AG	GT	GT	1977				
CT	AG	TT	CC	CT	GT	TT	CCCC	GG	ACT	TC	CT	AG	TG	CCCC	AA	AT	GC	CC	CT	GT	AG	GG	CT	GA	GA	AC	CC	CA	GG	CCCC	CT	GT	GG	CT	TT	CA	2056				
AC	AC	AG	CA	AG	CT	GT	GA	AG	TG	GT	TT	CT	TA	CA	GC	CT	GT	GA	AG	AA	CCCC	CT	GT	AG	CA	AG	AG	CC	TC	CC	CA	TC	CC	AC	CC	2135					
TC	AG	GG	CT	GA	GC	AG	CT	CT	CA	AG	AG	CT	GC	TC	AA	AG	AG	CT	GA	CG	CG	CC	AC	CC	TC	CC	CT	TC	CC	CA	AG	GG	GT	GG	GAG	2214					
GG	AG	TG	GG	CCCC	CA	AG	GA	AA	GA	GG	CG	CT	CT	GA	AG	GA	AT	CT	CG	CC	CA	CA	CCCC	CAG	GA	CA	GA	AA	AG	GA	AA	CA	AAG	C	2293						
CC	GG	CC	CT	CT	GG	TG	AA	AT	GG	GA	CT	CC	CT	CA	CC	CA	CA	CC	CA	CC	CA	CC	CA	CC	CT	CT	GA	AA	AG	CT	TC	CA	CA	CT	TC	CA	CG	CA	GAT	CC	2372
GG	TG	GC	AG	GC	AC	CG	GA	AA	AG	GT	CT	CT	CA	AG	AG	GT	TC	CT	GT	GT	CT	GG	CC	TA	AG	CCCC	CAG	CC	CA	GG	CC	CT	GT	CT	C	2451					

Fig. 1D

TCTCTGGCCTGGGGCATCCACCCGTTGTTCTGAAGGCAGAGCCCATTTCTGTGGGCTCACAAGACACAGTGAAAGGGGATC 2530
ATGGCCTGCACCCCTGCTTTTCAGCAGTAAAAAGCCCGAAAGCCTGGCGAGCATGGCCGAGCTGGGAGGGCCGAGCCG 2609
GAAC'TCCACGTCCCTCGAGAGCAGGAGCCCTCTTAAGGGCTGGCACTGGTCTCAGCCCTAATGGCTGAGGCCGGTACCCCTGG 2688
CTTCATATGCATCTCACTGCTCCCCACTGCAGGGGGGCAGGGAAGGGGGTCTGGGAGCCCTTCATGTGTGGGGGCCGAG 2767
CTGGGGGCCCCCATGGCCATCCTGGACCTCGCTGCTCCAGAGTTTAATAAAGGTAGCACATGCTTATTGCTAGAAAAAA 2846
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGGGCGGCCGC 2895

Fig. 1E

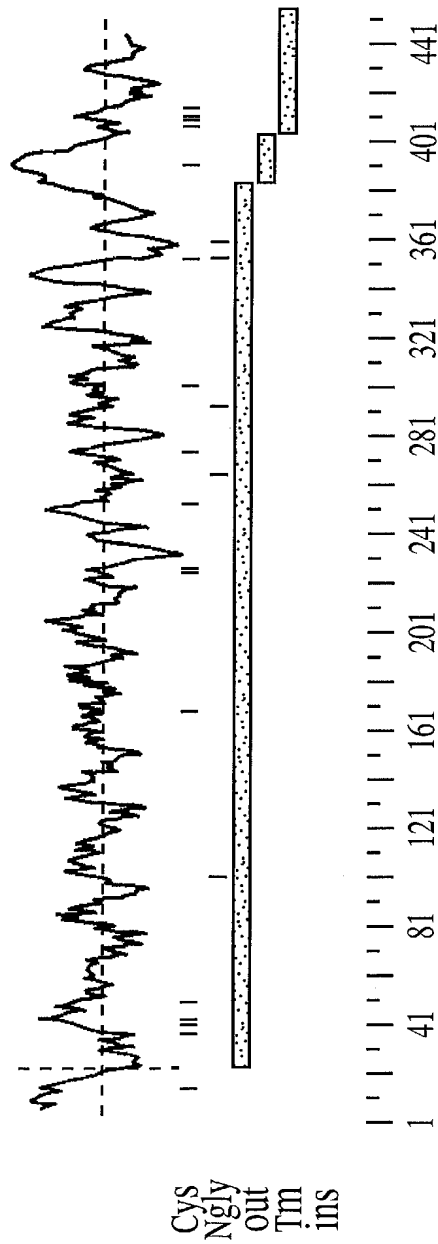


FIG. 1F

```

10      20      30      40      50      60      70
H MTWLVLLGTLMLRVGLGTPDSEGFPPRALHNCYPKICAAADLLSCTGLGLQDVPaelPAATADLDLsh
P MN-LDIHCEQLSDARWTELLPLLQQYEVVRLLDDCGLTEEHCKDIGS--ALRANPSLTELclRTNEL--GD
80      90      100      110      120      130
H NALQRLRPGWLAPLFQlRALHLDHNEldALGRGVFVNA----SGLRLDLLSSNTlRALGRHDL-DGLGA-
P AGVHLVLQGLQSPtCKIQKLSLQNCslTEAGCGVLPStLRSLPtLRlELHLSdNPLGDAGLRLLCEGLLDp
140      150      160      170      180      190      200
H ---LEKLLLFNNRLVHLD-EHAFHGLRALSHLYlGCNElASFdHLHGLSATHLLTLdLSSNRlGHISV
P QCHLEKLQLEyCRlTAASCEPLASVLRAtrAL-----KELTVSNND--IGeAGARVLGQGLAD-----SA
210      220      230      240      250      260
H PELAAALPAFLKN-GLYLHNNPLPCDCRlYHLLQrWHQrGLSAVRDFAREYVClaFKVPASrVR---FFQH
P CQLEtLR--LENCGLTPANCKDLcGIVASQASlRElDLGSNGlGDAGIAELcPGllSPASrRLKtTLWlWEC

```

Fig. 1G

```

270      280      290      300      310      320
H SRVFENCSSA-PALGLKRPEEHLYALVGRSL-----RLYCNTSV-PAMRIAWVSPQQLLRAPGSRDGS
  . . . . . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
P DITASGCRDLCRVIAKETLIKEL-SLAGNKLGDGARGLLCESLIQPGCQLESIMWKSCSLTAACQHVSL
270      280      290      300      310      320      330

330      340      350      360      370      380      390
H AVLADGSLAIGNVQEQHAGLFVCLATGPRLLHHNQTHEYNVSVHFFRPEPEAFNTGFTLLGCAVGLVLVL
  . . . . . : : : : : : : : : : . . . . . : : : : : : : : :
P MLTQNKHL-----LELQLSSNKLGDSGIQELCQALSQPGTTLRVLCIGDCEVTNSGCSSLAS--ILLANRS
340      350      360      370      380      390

400      410      420      430      440      450
H LYLFAPPCRRACPLPPIAPNTQPAPRAEPHK-SSVLSTTPPDAPSPQQAATS-----T
  : . . . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
P LRELDLSNNCVGDPGVIQLLGSLEQPGCALEQLVLYDTYWTEEEVEDRLQALEGSKPGLRVIS
400      410      420      430      440      450

```

Fig. 1H

ccg ttt ctc ttt aac cac ttg cac ggt ctg ggg tta acc cgc ctg cgg	48
Pro Phe Leu Phe Asn His Leu His Gly Leu Thr Arg Leu Arg	15
1	
act ctg gac ctc tcc aac tgg ctg aaa cat atc tcc atc cct gag	96
Thr Leu Asp Leu Ser Ser Asn Trp Leu Lys His Ile Ser Ile Pro Glu	30
20	
ttg gct gca ctg cca act tat ctc aag aac agg agc ctc tac ctg cac aac	144
Leu Ala Ala Leu Pro Thr Tyr Leu Lys Asn Arg Leu Tyr Leu His Asn	45
35	
aac ccg ctg ccc tgt gac tgc agc ctc tac cac ctg ctc cgg cgc tgg	192
Asn Pro Leu Pro Cys Asp Cys Ser Leu Tyr His Leu Leu Arg Arg Trp	60
50	
cac cag cgg ggc ctg agt gcc ctg cat gat ttt gaa cgc gag tac aca	240
His Gln Arg Gly Leu Ser Ala Leu His Asp Phe Glu Arg Glu Tyr Thr	75 80
65	
tgc ttg gtc ttt aag gtg tca gag tcc cga gtg cgc ttt gag cac	288
Cys Leu Val Phe Lys Val Ser Glu Ser Arg Val Arg Phe Glu His	85 90 95
agc cgg gtc ttc aag aac tgc tct gtg gct gca gct cca ggc tta gag	336
Ser Arg Val Phe Lys Asn Cys Ser Val Ala Ala Ala Pro Gly Leu Glu	100 105 110

Fig. 11

ctg cct gaa gag cag ctg cac gcg cag ctg ggc cag tcc ctg agg ctg	384
Leu Pro Glu Glu Glu Gln Leu His Ala Gln Val Gln Ser Leu Arg Leu	
115 120 125	
ttc tgc aac acc agt gtg cct gcc act cgg gtg gcc tgg gtc tcc ccg	432
Phe Cys Asn Thr Ser Val Pro Ala Thr Arg Val Ala Trp Val Ser Pro	
130 135 140	
aaag aat gag ctg ctt gtg gcg cca gcc tct cag gat ggt agc atc gct	480
Lys Asn Glu Leu Val Val Ala Pro Ala Ser Gln Asp Gly Ser Ile Ala	
145 150 155 160	
gtg ttg gct gat ggc agc tta gcc ata ggc agg gtg caa gag cag cac	528
Val Leu Ala Asp Gly Ser Leu Ala Ile Ile Gly Arg Val Gln Glu Gln His	
165 170 175	
gca ggc gtc ttt gtg tgc ctg gcc agt ggg ccc cgc ctg cac cac aac	576
Ala Gly Val Phe Val Cys Leu Ala Ser Val Ser Gly Pro Arg Leu His Asn	
180 185 190	
cag aca ctt gag tac aat gtg agt gtg cca aag gct cgc ccc gag cca	624
Gln Thr Leu Glu Tyr Asn Val Ser Val Gln Lys Ala Arg Pro Glu Pro	
195 200 205	
gag act ttc aac aca ggc ttt acc acc ctg ggc tgt att gtg ggc	672
Glu Thr Phe Asn Thr Thr Phe Thr Thr Thr Leu Gly Cys Ile Val Gly	
210 215 220	

Fig. 1J

ctg gtg ctg gtg ttg ctg ttg tac ttg ttt gca cca ccc tgt cgt ggc tgc	720
Leu Val Leu Val Leu Leu Tyr Leu Phe Ala Pro Pro Cys Arg Gly Cys	
225 230 235 240	
tgt cac tgc tgt cag cgg gcc tgc cgc aac cgt tgc tgg ccc cgg gca	768
Cys His Cys Cys Gln Arg Ala Cys Arg Asn Arg Cys Trp Pro Arg Ala	
245 250 255	
tcc agt cca ctc cag gag ctg agc gca cag tcc tcc atg ctt agc act	816
Ser Ser Pro Leu Leu Gln Glu Leu Ser Ala Gln Ser Ser Met Leu Ser Thr	
260 265 270	
acg cca cca gat gca ccc agc cgc aag gcc agt gtc cac aag cat gtg	864
Thr Pro Pro Asp Ala Pro Ser Arg Lys Ala Ser Val His Lys His Val	
275 280 285	
gtc ttc ctg gag ccg ggc aag aag ggc ctc aat ggc cgt gtg cag ctc	912
Val Phe Leu Glu Pro Gly Lys Lys Gly Leu Asn Asn Gly Arg Val Gln Leu	
290 295 300	
gca gta cct cca gac tcc gat ctg tgc aac ccc atg ggc ttg caa ctc	960
Ala Val Pro Pro Asp Ser Asp Leu Cys Asn Pro Met Gly Leu Gln Leu	
305 310 315 320	
aa	962

Fig. 1K

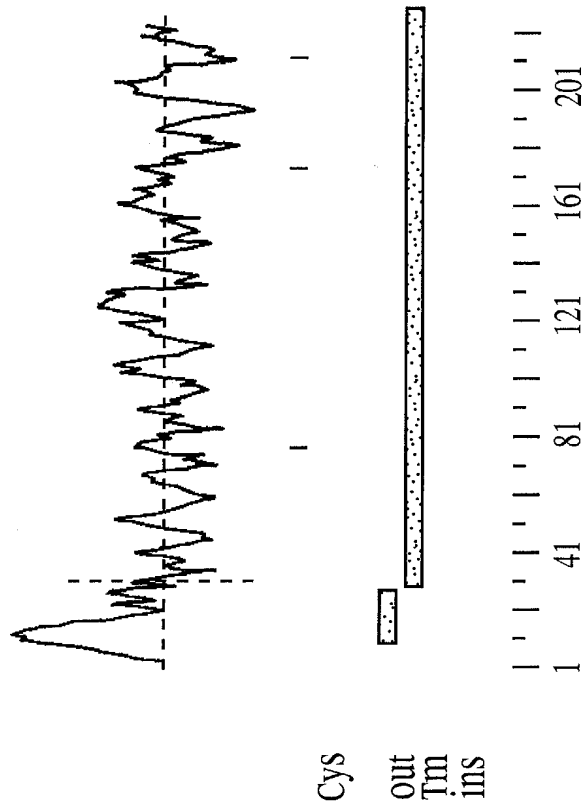


FIG. 1L

```

M      1  .....PFLFNHLHGLTRLRRLTDLSSNWLKHISI 30
H      151 HAFHGLRALSHLYLGCNELASFDFHHLHGLSATHLLTDLSSNRLGHISV 200

M      31 PELAALPTYLKNRLYLHNNPLPCDCSLYHLLRRWHQGLSALHDFEREYT 80
H      201 PELAALPAFLKNGLYLHNNPLPCDCRLYHLLQRWHQGLSAVRDFAREYV 250

M      81 CLVFKVSESRVFFEHRSRVFKNCVAAAPGLELPEEQHQAQVGQSLRLFC 130
H      251 CLAFKVPASRVRFQHSRVFENCSSAPALGLKRPEEHLYALVGRSLRLYC 300

M      131 NTSVPATRVAVWVSPKNELLVAPASQDGSIAVLADGSLAIGRVQEQHAGVF 180
H      301 NTSVPAMRIAUVSPQQELLRAPGSRDGSIAVLADGSLAIGNVQEQHAGLF 350

M      181 VCLASGPRLLHNNQTLEYNVSVQKARPEPETFTNTGFTLLGCIVGLVLVLL 230
H      351 VCLATGPRLHNNQTHEYNVSVHFPRPEPEAFNTGFTLLGCAVGLVLVLL 400

M      231 YLFAPPCRGCCCHCCQACRNRCWPRASSPLQELSA.QSSMLSTTPPDAPS 279
H      401 YLFAPPCR....CRRACPLPLAPNTQAPAPRAEPHKSSVLSTTPPDAPS 446

M      280 RKASVHKHVVFLEPGKGLNGRVQLAVPPDSDLNCPMGLQL 320
H      447 PQGQASTST..... 455

```

Fig. 1M

14/109

GTCGACCCACGCGTCCGGCGGAACCCAGCGTCCGCCGAC	M	A	W	T	K	Y	Q	L	F	L	10
		ATG	GCC	TGG	ACC	AAG	TAC	CAG	CTG	TTC	CTG
											69
A G L M L V T G S I N T L S A K W A D N											30
GCC GGG CTC ATG CTT GTT ACC GGC TCC ATC AAC ACG CTC TCG GCA AAA TGG GCG GAC AAT											129
F M A E G C G G S K E H S F Q H P F L Q											50
TTC ATG GCC GAG GGC TGT GGA GGG AGC AAG GAG CAC AGC TTC CAG CAT CCC TTC CTC CAG											189
A V G M F L G E F S C L A A F Y L L R C											70
GCA GTG GGC ATG TTC CTG GGA GAA TTC TCC TGC CTG GCT GCC TTC TAC CTC CAG CTC CGA TGC											249
R A A G Q S D S S V D P Q Q Q P F N P L L											90
AGA GCT GCA GGG CAA TCA GAC TCC AGC GTA GAC CCC CAG CAG CCC TTC AAC CCT CTT CTT											309
F L P P A L C D M T G T G T S L M Y V A L N											110
TTC CTG CCC CCA GCG CTC TGT GAC ATG ACA GGG ACC AGC CTC ATG TAT GTG GCT CTG AAC											369
M T S A S S F Q M L R G A V I I F T G L											130
ATG ACC AGT GCC TCC AGC TTC CAG ATG CTG CGG GGT GCA GTG ATC ATA TTC ACT GGC CTG											429
F S V A A F L G R R L V L S Q W L G I L A											150
TTC TCG GTG GCC TTC CTG GGC CGG AGG CTG GTG CTG AGC CAG TGG CTG GGC ATC CTA GCC											489

Fig. 2A

T	I	A	G	L	V	V	G	L	A	D	L	L	S	K	H	D	S	Q	170	
ACC	ATC	GCG	GGG	CTG	GTG	GTG	GGC	CTG	GCT	GAC	CTC	CTG	AGC	AAG	CAC	GAC	AGT	CAG	549	
H	K	L	S	E	V	I	T	G	D	L	I	I	M	A	Q	I	I	V	190	
CAC	AAG	CTC	AGC	GAA	GTG	ATC	ACA	GGG	GAC	CTG	TTG	ATC	ATC	ATG	GCC	CAG	ATC	GTT	609	
A	I	Q	M	V	L	E	E	K	F	V	Y	K	H	N	V	H	P	L	R	210
GCC	ATC	CAG	ATG	GTG	CTA	GAG	GAG	AAG	TTC	GTC	TAC	AAA	CAC	AAT	GTG	CAC	CCA	CTG	CGG	669
A	V	G	T	E	G	L	F	G	F	V	I	L	S	L	L	L	V	P	M	230
GCA	GTT	GGC	ACT	GAG	GGC	CTC	TTT	GGC	TTT	GTG	ATC	CTC	TCC	CTG	CTG	CTG	GTG	CCC	ATG	729
Y	Y	I	P	A	G	S	F	S	G	N	P	R	G	T	L	E	D	A	L	250
TAC	TAC	ATC	CCC	GCC	GGC	TCC	TTC	AGC	GGA	AAC	CCT	CGT	GGG	ACA	CTG	GAG	GAT	GCA	TTG	789
D	A	F	C	Q	V	G	Q	Q	P	L	I	A	V	A	L	L	G	N	I	270
GAC	GCC	TTC	TGC	CAG	GTG	GGC	CAG	CAG	CCG	CTC	ATT	GCC	GTG	GCA	CTG	CTG	GGC	AAC	ATC	849
S	S	I	A	F	F	N	F	A	G	I	S	V	T	K	E	L	S	A	T	290
AGC	AGC	ATT	GCC	TTC	TTC	AAC	TTC	GCA	GGC	ATC	AGC	GTC	ACC	AAG	GAA	CTG	AGC	GCC	ACC	909
T	R	M	V	L	D	S	L	R	T	V	V	I	W	A	L	S	L	A	L	310
ACC	CGC	ATG	GTG	TTG	GAC	AGC	TTG	CGC	ACC	GTT	GTC	ATC	TGG	GCA	CTG	AGC	CTG	GCA	CTG	969

Fig. 2B

G	W	E	A	F	H	A	L	Q	I	L	G	F	L	I	L	I	G	T	330
GGC	TGG	GAG	GCC	TTC	CAT	GCA	CTG	CAG	ATC	CTT	GGC	TTC	CTC	ATA	CTC	CTT	ATA	GGC	ACT 1029
A	L	Y	N	G	L	H	R	P	L	L	G	R	L	S	R	G	R	P	L 350
GCC	CTC	TAC	AAT	GGG	CTA	CAC	CGT	CCG	CTG	CTG	GGC	CGC	CTG	TCC	AGG	GGC	CGG	CCC	CTG 1089
A	E	E	S	E	Q	E	R	L	L	G	G	T	R	T	P	I	N	D	A 370
GCA	GAG	GAG	AGC	GAG	CAG	GAG	AGA	CTG	CTG	GGT	GGC	ACC	CGC	ACT	CCC	ATC	AAT	GAT	GCC 1149
S	*																		372
AGC	TGA																		1155
GGT	TCC	CTG	GAG	CTT	CTA	CTG	CCAC	CCCG	GGT	GTCT	CTCT	CCCT	GAG	ACT	GAG	CCCA	CAC	AGG	CTGTGGGCCCCGAA 1234
TG	CCCT	AT	CCCC	CAAG	CCCT	CAC	CCCT	GT	CCCC	CTGC	AGAAC	CCCC	CAG	GGC	AGCT	GTG	CCAC	AGAG	ATAACAACAC 1313
CCA	AGT	CCCT	CTTT	CTCA	CTAC	CACT	ACC	CTGC	AGGG	TGGT	GT	TAC	CCAG	CCCC	CACA	AGCCT	GAGT	GCAG	TGGCAGACCTC 1392
AG	CTCT	CTG	GAC	CCCT	CTAC	AGCA	CTAG	AGCT	AAAT	CAT	GAA	GTGA	ATT	GTAG	GAATT	TAC	CA	CCG	TAGTGATCTG 1471
AAT	CATA	AACT	AGAT	TAT	CATA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	1518

Fig. 2C

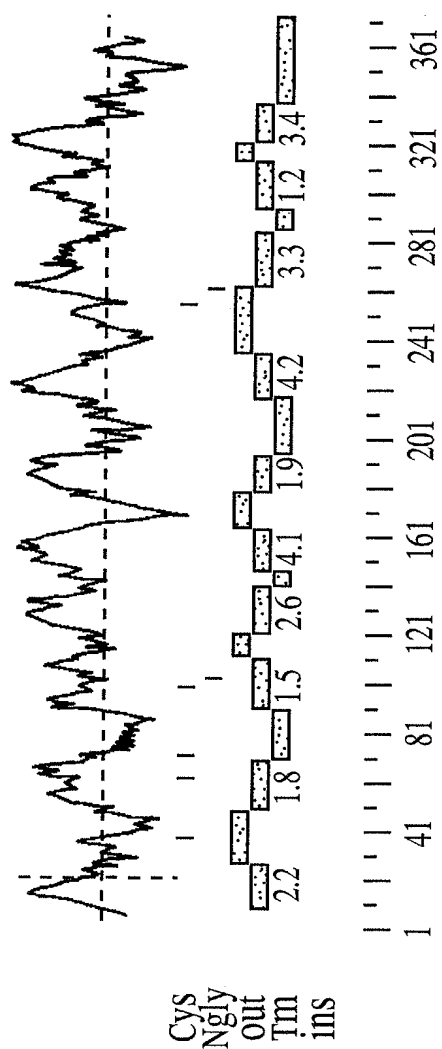


FIG. 2D

18/109

	M.	A	P	H	W	
GTCGACCCACGCGTCCGCGGACAGCTGGCCTGAAGCTCAGAGCCGGGGCGTGCGCC	ATG	GCC	CCA	CAC	TGG	5
						72
A V W L L A A R L W G L G I G A E V W W						25
GCT GTC TGG CTG CTG GCA AGG CTG TGG GGC CTG GGC ATT GGG GCT GAG GTG TGG TGG						132
N L V P R K T V S S G E L A T V V R R F						45
AAC CTT GTG CCG CGT AAG ACA GTG TCT TCT GGG GAG CTG GCC ACG GTA CGG CGG TTC						192
S Q T G I Q D F L T L T L T E P T G L L						65
TCC CAG ACC GGC ATC CAG GAC TTC CTG ACA CTG ACG CTG ACG GAG CCC ACT GGG CTT CTG						252
Y V G A R E A L F A F S M E A L E L Q G						85
TAC GTG GGC GCC CGA GAG GCC CTG TTT GCC TTC AGC ATG GAG GCC CTG GAG CTG CAA GGA						312
A I S W E A P V E K K T E C I Q K G K N						105
GCG ATC TCC TGG GAG GAG GCC CCC GTG GAG AAG AAG ACT GAG TGT ATC CAG AAA GGG AAG AAC						372
N Q T E C F N F I R F L Q P Y N A S H L						125
AAC CAG ACC GAG TGC TTC AAC TTC ATC CGC TTC CTG CAG CCC TAC AAT GCC TCC CAC CTG						432
Y V C G T Y A F Q P K C T Y V V S A A L						145
TAC GTC TGT GGC ACC TAC GCC TTC CAG CCC AAG TGC ACC TAC GTC GTG AGT GCT GCC CTC						492

Fig. 3A

L P R C P Q P P A L L T L L L W T R G C G 165
 CTA CCT CGG TGT CCC CAG CCC CCC GGC CTC CTC CTT CTC TGG ACT CGT GGA TGT GGC 552

 P Q S P A L K H L L I T S L S V L R T C 185
 CCA CAG AGC CCT GCC CTT AAG CAT CTC CTC ATC ACC TCT CTC TCT GTC CTT AGA ACA TGC 612

 S P S L W S M E S L K M G R A S V P M T 205
 TCA CCT TCA CTT TGG AGC ATG GAG AGT TTG AAG ATG GGA AGG GCA AGT GTC CCT ATG ACC 672

 Q L R A M L A F L W M V S C T R P H S T 225
 CAG CTA AGG GCC ATG CTG GCC TTC TTG TGG ATG GTG AGC TGT ACT CGG CCA CAC TCA ACA 732

 T S W A R N P L S C V T W G P T T P * 244
 ACT TCC TGG GCA CGG AAC CCA TTA TCC TGC GTA ACA TGG GGC CCC ACC ACT CCA TGA 789

 AGACAGAGTACCTGGCCTTTTGGCTCAACGAACCTCACTTTGTAGGCTCTGCCATGTACCTGAGAGTGTGGCAGCTT 868

 CACGGGGACGACGACAAGGTCTACTTCTTTCAGGGAGCGGCGAGTGGAGTCCGACTGCTATGCCGAGCAGGTGTG 947

 GCTCGTGTGGCCCGTGTCTGCAAGGGCGATATGGGGGGCGACGGACCCCTGCAGAGGAAGTGGACCACTTCCCTGAAGG 1026

 CGCGGCTGGCATGCTCTGCCCCGAACTGGCAGCTCTACTTCAACCAGCTGCAGGCGATGCACACCCCTGCAGGACACCTC 1105

19 / 109

Fig. 3B

CTGGCAACACCACCTTCTTTGGGGTTTTTCAAGCACAGTGGGGTGACATGTACCTGTGCGCCATCTGTGAGTACCAG 1184
TTGGAAGAGATCCAGCGGGTGTGTGAGGGCCCCCTATAAGGAGTACCATGAGGAAGCCCAGAAAGTGGGACCGCTACACTG 1263
ACCTGTACCCAGGCCCTGGTGTGATGGCTGCCAGCCCCGCCATGCCGGGCCCTACCACTGCTTTTCAGAGGAGCAG 1342
GGGGCGGGCTGGCTGCTGAAGCTACCTTGTGGCTGCTGGCAGGCCCGCTCGGTGACCTTGGAGGCCCGGGCCCCC 1421
TGAAAACCTGGGGCTGGTGTGGCTGGCGGTGGTGGCCCTGGGGGCTGTGTGCCTGGTGTGCTGCTGTGCTGTGTC 1500
ATTGCGCCGGCGCTGCGGGAAGAGCTGGAGAAAGGGCCAAAGGCTACTGAGAGGACCTTGGTGTACCCCCCTGGAGCTG 1579
CCCAAGGAGCCCAACAGTCCCCCTTCCGGCCCTGTCTGAACCAGATGAGAAACTTTGGGATCCTGTGCGTTACTACT 1658
ATTCAGATGGCTCCCTTAAGATAGTACCTGGGCATGCCCGGTGCCAGCCCGGTGGGGGGCCCCCTTCGCCACCTCCAGG 1737
CATCCCAGGCCAGCCCTCTGCCCTTCTCCAACCTCGGCTTCACTGGGGGTGGCGGAACTCAAATGCCAATGGTTACGTG 1816
CGCTTACAAC TAGGAGGGAGGACCGGGAGGGCTCGGGCACCCCCCTGCCCTGAGCTCGCGGATGAAC TGAGACGCAAAC 1895
TGCAGCAACGCCAGCCACTGCCCGACTCCAACCCCGAGGAGTCATCAGTATGAGGGGAACCCCCACCCGCGTCGGCGGGA 1974
AGCGTGGGAGGTAGCTCCTACTTTTGACACAGGCACCAGCTACCTCAGGGACATGGCACGGGCACCTGCTCTGTCTGG 2053

Fig. 3C

GACAGATACTGCCAGCACCCACCGGCCATGAGGACCTGCTCTGCTCAGCACGGGCACTGCCACTTGGTGTGGCTCAC 2132
CAGGGCACCAAGCTCGCAGAAGGCATCTTCCTCCTCTCTGTGAATCACAGACACGCGGACCCAGCCGCCAAAACCTTT 2211
TCAAGGCAGAAAGTTCAAGATGTGTGTTTGTCTGTATTTGCACATGTGTTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGCACGC 2290
GGTGCGCGCTTGTGGCATAGCCCTTCCTGTCTTCTGTCAAGTCTTCCTTGGCCCTGGGTCCCTGGTGAGTCATTGGAG 2369
CTATGAAGGGGAAGGGTCCGTATCACATTTGTCTCTCCTACCCCCACTGCCCCGAGTGTGCGGCAGCGATGTACATATGG 2448
AGGTGGGTGGACAGGGTGTGTGCCCCCTTCAGAGGGAGTGCAGGGCTTGGGGTGGGCCCTAGTCCTGCTCCTAGGGCTG 2527
TGAATGTTTTTCAGGGTGGGGGGAGGAGATGGAGCCTCCTGTGTGTTTGGGGGGAAGGTGGGTGGGGCCTCCCACCTG 2606
GCCCCGGGTTCAAGTGGTATTTTATACTTGCCCTTCTTCTGTACAGGGCTGGGAAAGGCTGTGTGAGGGGAGAGAAGGG 2685
AGAGGGTGGCCTGCTGTGGACAAATGGCATACTCTCTTCCAGCCCTAGGAGGAGGGCTCCTAACAGTGTAACCTTATTGT 2764
GTCCCCCGGTATTATTGTTGTGAAATATTGAGATTTTATATTGA 2811

Fig. 3D

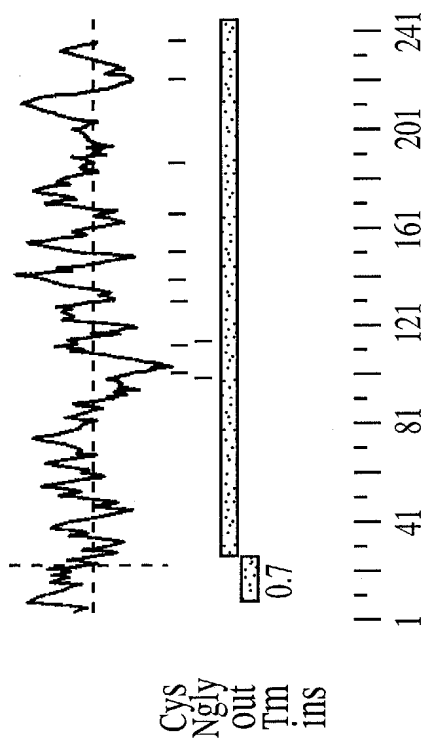


FIG. 3E

Fig. 3F

```

360      370      380      390      400      410      420
M QAQWARYTDPVSPRPGSCINNWHRDNGYTSSLELPDNTLNFIKKHPLMEDQVKPRLLVKKNTNF
  ::      :      :      :      :      :      :
H ---WTR-----GCGPQ-----SPAL-----KH-----LLI---TSL
160      170

430      440      450      460      470      480      490
M THVVADRVPGLDGATYTVLFIGTGDGWLKAVSLGPWIHMVEELQVFDQEPVESLVLSQSKKVLFAGSRS
  .      :      :      :      :      :      :
H S-----VLRTCSPSLW-----SMESLKMGRA-----SVPMT
180      190      200

500      510      520      530      540      550      560
M QLVQLSLADCTKYRFCVDCVLARDPYCAWNVNTSRCVATTSGRSGSFLVQHVANLDTSKMCNQYGIKKVR
  ::      :      :      :      :      :      :
H QLRAM-LA-----F-----L-----WMVSCTRPHSTTS-----
210      220

570      580      590      600      610      620      630
M SIPKNITVVSGETDLVLPCHLSSNLAHAHWTFGSQDLPAEQPGSFLYDTGLQALVVMAAQSRHSGPYRCYS
  :
H -----W-----

640      650      660      670      680      690      700
M EEQGTRLAAESYLVAVVAGSSVTLEARAPLENGLVWIAVVALGAVCLVLLLVLSLRRRLREELEKGAK
  ::      :      :      :      :      :      :
H -----ARNPLS-----CVT-----
230

```

Fig. 3G

Fig. 3H

```

10      20      30      40      50      60      70
M  GGCACGAGGTGGCCGGAGTCAAACGCGAGGGCAGCGCCAGGATTGGAGCTGCACGAAAGAGGGCTGCTG
:  :      :      :      :      :      :      :
H  GTC-----GACC-----CACG-----CGTC-----CGCG-----GGACAGCTG
                               10      20

80      90      100     110     120     130     140
M  GACTGAAGTTTAGACCCCTGGGTGTCTGCCATGGCCCCACACTGGGCTGTCTGGCTGCTGGCAGCAGGGCT
:  :      :      :      :      :      :      :
H  GCCTGAAGCTCAGAGCCGGGGCGTGGCCCATGGCCCCACACTGGGCTGTCTGGCTGCTGGCAGCAAGGCT
30    40    50    60    70    80    90

150     160     170     180     190     200     210
M  GTGGGGCCTTGGGCATCGGGGCTGAGATGTGGTGAACCTTGTGCCCGGGAAGACAGTATCTTCTGGGGAG
:  :      :      :      :      :      :      :
H  GTGGGGCCTTGGGCATCGGGGCTGAGGTGTGGTGAACCTTGTGCCCGGTAAGACAGTGTCTTCTGGGGAG
100   110   120   130   140   150   160

220     230     240     250     260     270     280
M  CTGGTCACAGTAGTGAGCGGTTCTCCAGACAGGCATCCAGGACTTCCTGACACTGACCCCTGACAGAAC
:  :      :      :      :      :      :      :
H  CTGGCCACGGTAGTACGGCGGTTCTCCAGACCGGCATCCAGGACTTCCTGACACTGACGCTGACGGGAGC
170   180   190   200   210   220   230

290     300     310     320     330     340     350
M  ATTCTGGCCTTTTATATGTGGGGGGCCCGAGAGGCGCTGTTTGCCCTTCAGTGTAGAGGCTCTGGAGCTGCA
:  :      :      :      :      :      :      :
H  CCACTGGGCTTCTGTACGTGGGCGCCCGAGAGGCCCTGTTTGCCCTTCAGCATGGAGGCCCTGGAGCTGCA
240   250   260   270   280   290   300

```

Fig. 3I


```

710      720      730      740      750      760      770
M TCAAGACAGAGTACCTGGCTTTTGGCTGAATGAACCCACTTTGTAGGCTCTGCCCTTGTCCCTGAGAG
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H -----AGAGCCCTGCCCCTTAAGC-----ATCTCCTCATCAC---CTCTCTCTCTGTCC-TTAGA-
560      570      580      590      600

780      790      800      810      820      830      840
M TGTGGGAAGCTTCACGGGAGACGATGACAAGATCTACTTCTTCTTCAGTGAGCGGCGCAGTGGAGTATGAC
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H -----ACATGCTCACCTTCA-CTT-TG-GAGCA---TGGAGAGTTTGA-
610      620      630      640

850      860      870      880      890      900      910
M TGCTATTCGAGACAGGTGGTGGCTCGTGTGGCGAGAGTCTGTAAAGGTGACATGGGGGAGCACGGACGC
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H -----AGATGG-----GAAGGGCAAGTGTC-----C-----CTATGACCC
650      660      670

920      930      940      950      960      970      980
M TGCAGAAAGAAATGGACGACGTTCCCTGAAGGCTCGGTTGGTGTGCTCAGCCCCCTGACTGGAAGGTCTACTT
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H AGCTAAGGGCCATGCTGGCCCTTCTTGT-GGATGGTGAGCTGTACTCGGCCAC--ACT-----CAACAA
680      690      700      710      720      730

990      1000      1010      1020      1030      1040      1050
M CAACCAGCTGAAGGCGGTGCACACCCCTGCGGGGCGCCTCTTGGCACAACACCACCTTCTTCGGGGTTTTT
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H CTTCCCTG-----GGCA-----CGGAAC-CCA-TTATC-----CTGCG-----TAA
740      750      760

```

Fig. 3K

```

1060      1070      1080      1090      1100      1110      1120
M CAAGCGGATGGGCGATATGACCTGTCTGCAGTTTGTGAGTACCAAGTTGGAACAGATCCAGCAAGTGT
  ::      :::::      ::      ::::      ::::      ::::      ::::
H CA-----TGGGGC-----CC---C-----ACCA-----C---TCCA-----
770
1130      1140      1150      1160      1170      1180      1190
M TTGAGGGTCCCTACAAGGAGTACAGTGAGCAAGCCCAAGAGTGGGCCCGCTATACTGACCCGGTACCCAG
  :::::      ::      :::::      :::::      ::      ::      ::      ::
H -TGAAG-----ACA--GAGTAC-----CTGGCC---TTTGGCTCAACGAACCTCACTTTGTA---GG
790      800      810      820      830
1200      1210      1220      1230      1240      1250      1260
M CCCTCGGCCTGTTTCGTGTATCAACAACCTGGCACCAGACAATGGCTACACCAGTTCCTTGGAACTGCCG
  :      :::::      :::::      ::::      :::::      ::      ::      ::
H C--TCTGCCTA-----TGTA-C-----CTGA-----GAGT-GTGGGCAGCTTCA---CGGGGGACGAC--
840      850      860      870      880
1270      1280      1290      1300      1310      1320      1330
M GACAACACCCCTCAACTTCATCAAGAAGCACCCCTGATGGAGGACCAGGTGAAGCCTCGGTTGGGCCCGCC
  :::::      :      :::::      :::::      ::::      :::::      ::::
H GACAAGGTCTACTTCTTCTCAGGGAGC-----GGGC--AGTGGAGTC-CGA-----
890      900      910      920
1340      1350      1360      1370      1380      1390      1400
M CCCTACTTGTGAAGAAGAACACTAACTTCACACACGTGGTGGCCGACAGGGTCCCAGGGCTTGATGGTGC
  :::::      ::      ::      :::::      :::::      ::      ::      ::
H --CTGCTA-----TGC--CGAGCAGGTGGTGGC-----TC-----GTGTGGC
930      940      950

```

Fig. 3L

```

1410      1420      1430      1440      1450      1460      1470
M CACCTATACAGTGTGTTTCATTGGTACAGGAGATGGCTGGCTGCTGAAGGCTGTGAGCCTGGGGCCCTGG
: . . . . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H C--CGTGTCTG-----CAAGGG--C--GATATGGGGGGC-----GCA-----C--GGACCCCTG--
960      970      980      990

1480      1490      1500      1510      1520      1530      1540
M ATCCACATGGTGGAGGAACTGCAGGTGTTTGACCCAGGAGCCAGTGGAAGTCTGGTGTCTCAGAGCA
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H -----GAGGAA-----GTG-----GACCACGTTCCTG-----AAGGC-----GCGG---CTG-GCA
1000      1010      1020      1030

1550      1560      1570      1580      1590      1600      1610
M AGAAGTGCTCTTTGCTGGCTCCCGCTCTCAGCTGGTTCAGCTGTCTCTGGCCGACTGCACAAAGTACCG
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H -----TGCTCT-----GC-CCCGAACT-GGCAG-CTCTACT-TCA---ACCAGCTGCA---GG---CG
1040      1050      1060      1070      1080

1620      1630      1640      1650      1660      1670      1680
M TTTCTGTAGACTGTGTCCTGGCCAGGACCCTTACTGTGCCCTGGAATGTCAACACCAGCCGCTGTGTG
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H ATGC-----ACA---CCCTG--CAGGACACCT-----CCTGGCA---CAACACCACCTTCTTTTGGG
1090      1100      1110      1120      1130

1690      1700      1710      1720      1730      1740      1750
M GCCACCACCAAGTGCCTCGGGGTCCCTTTCTGGTCCAACATGTGGCGAACTTGGACACTTCAAGATGT
: . . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H GTTT--TTCAA-----GCACAGTGG-----GGT--GACATGTACCTGTC---GGC-CATCTG---TGA
1140      1150      1160      1170

```

Fig. 3M

```

1760      1770      1780      1790      1800      1810      1820
M GTAACCAAGTATGGCATTAATAAAGTCAGATCTATTCCCAAGAACAATCACCGTTGTGTGTCAGGCACAGACCT
  :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H GTA-CCAGT-TGG-----AAG--AGATC-----CAGCG--GGTGTTTGAGG-----
1180      1190      1200      1210

1830      1840      1850      1860      1870      1880      1890
M GGTCCCTACCCCTGCCACCTCTCGTCCCAATTGGCCCCATGCCCACTGGACCTTCGGAAGCCAGGACCTGCCT
  :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H -----GCC-----CCTATAAGGA--GTACC---ATGA-----GGAAGC-----CCA
1220      1230      1240

1900      1910      1920      1930      1940      1950      1960
M GCAGAACAAACCTGGCTCCTTTCTTTATGACACGGGACTCCAGGCGCTGGTGTGATGGCCGCACAGTCCC
  : :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H GAAGTGGGACC--GCTAC--ACT----GACCCCTGTAC-CCAGGCCCTGGTTGTGATGGCTGCCCAAGCCCC
1250      1260      1270      1280      1290      1300

1970      1980      1990      2000      2010      2020      2030
M GTCACCTCTGGACCCCTATCGTTGCTATTTCAGAGAGCAGGGGACAAAGACTGGCTGCAGAAAGCTACCTTGT
  : :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H GCCATGCCGGGGCCTACCACTGCTTTTCAGAGAGCAGGGGGCGCGGCTGGCTGCTGAAGGCTACCTTGT
1310      1320      1330      1340      1350      1360      1370

2040      2050      2060      2070      2080      2090      2100
M TGCTGTCTGGCCGGCTCGTCGGTGACACTGGAGGCACGGGCTCCCTTGAAACCTGGGGCTCGTGTGG
  :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H GGCTGTCTGGCAGGCCCGTCGGTGACCTTGAGGCCCGGGCCCCCTGGAAACCTGGGGCTGGTGTGG
1380      1390      1400      1410      1420      1430      1440

```

Fig. 3N

Fig. 30


```

2460      2470      2480      2490      2500      2510      2520
M CTCAAATGCCAATGTTATGTGCGTTTACAGTTGGCGGAGAGACCAGAGGATCTGGGCACCCACTG
      :::::::::::::::::::: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H CTCAAATGCCAATGTTACGTGCGCTTACAACCTAGGAGGGAGAGACCAGGAGGGCTCGGGCACCCCTG
1800      1810      1820      1830      1840      1850      1860

      2530      2540      2550      2560      2570      2580      2590
M CCTGAGCTCGCGGATGAATTACGACGGAACTACAACAGCCAGCCGCTGCTGACTCCAACCCAGAGG
      :::::::::::::::::::: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H CCTGAGCTCGCGGATGAACCTGAGACGCAAACTGCAGCAACGCCAGCCACTGCCGACTCCAACCCGAGG
1870      1880      1890      1900      1910      1920      1930

      2600      2610      2620      2630      2640      2650
M AGTCTTCAGTATAGGGGACCCCCACCTCATTTGGCGGGGGGCTCTCATGGGAGGTGCA-CTCTTAA
      :::::::::::::::::::: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H AGTCATCAGTATAGGGGAACCCCC-ACCGCGTCGGCGGGAAG-----CGTGGAGGTGTAGCTCCTA-
1940      1950      1960      1970      1980      1990

2660      2670      2680      2690      2700      2710      2720
M CTTTGCACAGCACCACTACCTCAGGGACATGGCAGGGCAGTCTGCTCTGCCCTGGGACAGACACTGCC
      :::::::::::::::::::: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H CTTTGCACAGCACCACTACCTCAGGGACATGGCAGGGCAGCTGCTCTGTCTGGGACAGATACTGCC
2000      2010      2020      2030      2040      2050      2060

2730      2740      2750      2760      2770      2780      2790
M CATCATTTGCCCCGGCGTGAGGACCTGCTC-----AGCATGGGCAGTCCCACTTGGTGTGGCTCACCCAGG
      :: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H CAGCACCCACCGGCCATGAGGACCTGCTCTGCTCAGCACGGGCAGTCCCACTTGGTGTGGCTCACCCAGG
2070      2080      2090      2100      2110      2120      2130

```

Fig. 3P

Fig. 3Q

```

3140      3150      3160      3170      3180      3190      3200
M GGGAGTGGGACTCGGGGTGGCCCTAGCCCTGCTCCTAGGGCTGTGAATGTTTTCAGGGCGGGGTT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H AGGAGTGCAGGGCT-TGGGGTGGCCCTAGTCCCTGCTCCTAGGGCTGTGAATGTTTTCAGGGTGGGGGA
2490      2500      2510      2520      2530      2540      2550

3210      3220      3230      3240      3250      3260      3270
M GGGGTGGAGATGGAACCTCCTGC--TTCAGGGGAGGGGTGGGCAGGGCCTCCCACCTTGCCCTCCGGG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H GGG-----AGATGGAGCCTCCTGTGTGTTTGGGGGGAAGGTGGGTGGGGCCTCCCACCTTGCCCCCGGGG
2560      2570      2580      2590      2600      2610

3280      3290      3300      3310      3320      3330
M TTCGGTGGTATTTTATATTTCGGCTCTTC-TG-ACAGGCTGGGAAGG--TTGTTGGGGAGGGAAGG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H TTCAGTGGTATTTTATACTTGCCCTTCTTCCTGTACAGGCTGGGAAGGCTGTGTAGGGGAGAGAAGG
2620      2630      2640      2650      2660      2670      2680

3340      3350      3360      3370      3380      3390      3400
M AGGAGGTGGCATGCTATGGATACTGGCCCTATCCTCTCCCTGCTCTGGGAAAAGGCT---AACAGTGA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H AGAGGTGGCCCTGCTGTGGACAATGGCACTACTCTCTCCAGCCCTAGGAGAGGGCTCCTAACAGTGA
2690      2700      2710      2720      2730      2740      2750

3410      3420      3430      3440      3450      3460      3470
M ACTATTGTGCCACATATTATTGTTGTAAATATTGAGTATTTTATATTGACAAAATAAATGGA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H ACTTATTGTCCCCGGTATTATTGTTGTAAATATTGAG-ATTTTATATTGA-----
2760      2770      2780      2790      2800      2810

```

Fig. 3R

GTCGACCCACGGCTCCGGGACGCCGTGGCGCGCGGGGCCCATCCAGACCCCTGCGGAGAGCGGCCCGGAGCGTCCGCC	79
GAGGTTTGAGGGCCCGGAGACCGAGGGCCTGGCGGCCGGAAGAACCCGCCCAAGAGACCTCTGGCCCGGGGGCTGC	158
TGGAACATGTGCGGGGGACACAGTTTGTGACAGTTGCCAGACT ATG TTT ACG CTT CTG GTT CTA CTC	228
S Q L P T V T L G F P H C A R G P K A S	28
AGC CAA CTG CCC ACA GTT ACC CTG GGG TTT CCT CAT TGC GCA AGA GGT CCA AAG GCT TCT	288
K H A G E E V F T S K E E A N F F I H R	48
AAG CAT GCG GGA GAA GAA GTG TTT ACA TCA AAA GAA GAA GCA AAC TTT TTC ATA CAT AGA	348
R L L Y N R F D L E L F T P G N L E R E	68
CGC CTT CTG TAT AAT AGA TTT GAT CTG GAG CTC TTC ACT CCC GGC AAC CTA GAA AGA GAG	408
C N E E L C N Y E E A R E I F V D E D K	88
TGC AAT GAA GAA CTT TGC AAT TAT GAG GAA GCC AGA GAG ATT TTT GTG GAT GAA GAT AAA	468
T I A F W Q E Y S A K G P T T K S D G N	108
ACG ATT GCA TTT TGG CAG GAA TAT TCA GCT AAA GGA CCA ACC ACA AAA TCA GAT GGC AAC	528

36 / 109

Fig. 4A

R E K I D V M G L L L T G L I A A G V F L 128
 AGA GAG AAA ATA GAT GTT ATG GGC CTT CTG ACT GGA TTA ATT GCT GCT GGA GTA TTT TTG 588

 V I F G L L G Y Y L C I T K C N R L Q H 148
 GTT ATT TTT GGA TTA CTT GGC TAC TAT CTT TGT ATC ACT AAG TGT AAT AGG CTA CAA CAT 648

 P C S S A V Y E R G R H T P S I I F R R 168
 CCA TGC TCT TCA GCC GTC TAT GAA AGG GGC AGG CAC ACT CCC TCC ATC ATT TTC AGA AGA 708

 P E E A A L S P L P P S V E D A G L P S 188
 CCT GAG GAG GCT GCC TTG TCT CCA TTG CCG CCT TCT GTG GAG GAT GCA GGA TTA CCT TCT 768

 Y E Q A V A L T R K H S V S P P P Y P 208
 TAT GAA CAG GCA GTG GCG CTG ACC AGA AAA CAC AGT GTT TCA CCA CCA CCA CCA TAT CCT 828

 G H T K G F R V F K K S M S L P S H * 227
 GGG CAC ACA AAA GGA TTT AGG GTA TTT AAA AAA TCT ATG TCT CTC CCA TCT CAC TGA 885

 CTACCTTGTCATTTTGGTATAAGAAAATTGTGTATTGATAGCCGGCCATGGTGGCTCATGCCGTGTAATCCCAGCAC 964

 TTTGGAGGCCAGGAGTTCGAGACCAGCCTGGCCCAACATGGTGAAACCCGGTCTCTACTAAAAATTCAAAAATTACCTA 1043

 GGCGTCATGGGCAATGCCCTGTAGTCCCACTACTTTGGAGGCTGAAGCAGGAGAAATTGCTCGAACCTGGAGGCAGAGG 1122

Fig. 4B

[illegible]

Fig. 4C

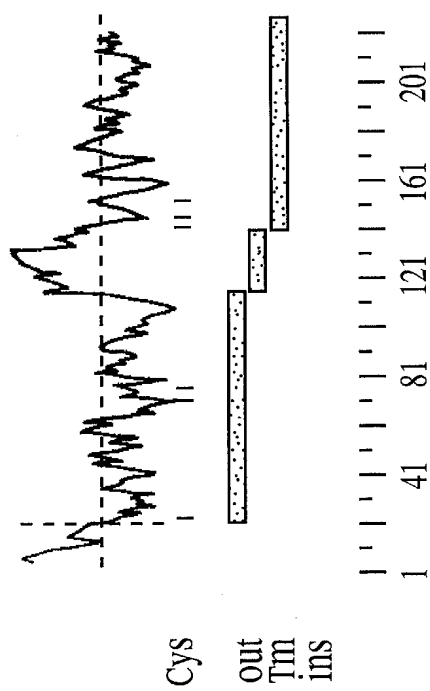


FIG. 4D

GTCGACCCAC	GGTCCGCTG	CGTTCTCACC	CCTGGACCAC	CCTGGGAGAA	CAGTTGACCG	60
AAGTTTGTTT	GGCAGTTGCT	GCTGGACT	ATG TTT CTG	CTT CTG	GTG GTA CTC	112
	Met	Phe	Leu	Leu	Val Val Leu	
	1			5		
AGC CAG CTG	CCC AGA CTT	ACC CTC	GCG GTT	CCT CAT	ACA AGA AGC CTA	160
Ser Gln	Leu Pro	Arg Leu	Thr Leu	Ala Val	Pro His Thr Arg Ser Leu	
10		15		20		
AAG AAT TCT	GAA CAT	GCC CCA	GAA GGA	GTC TTT	GCA TCA AAA AAA GCA	208
Lys Asn	Ser Glu	His Ala	Pro Glu	Gly Val	Phe Ala Ser Lys Lys Ala	
25		30		35	40	
GCA AGC ATC	TTT ATG	CAC CAC	CGT CGC	CTC CTA	TAC TAT AAT AGA TTT GAT TTA	256
Ala Ser	Ile Phe	Met His	Arg Arg	Leu Leu	Tyr Asn Arg Phe Asp Leu	
	45			50	55	
GAA CTC TTC	ACT CCC	GGG AAC	CTG GAG	AGA GAG	TGC TAT GAG GAG TTC	304
Glu Leu	Phe Thr	Pro Pro	Gly Asn	Leu Glu	Arg Glu Cys Tyr Glu Glu Phe	
	60		65		70	
TGT AGT TAT	GAA GAA	GCC AGA	GAG ATC	CTC GGG	GAC AAC GAA GAA ATG	352
Cys Ser	Tyr Glu	Glu Ala	Arg Glu	Ile Leu	Gly Asp Asn Glu Glu Met	
	75		80		85	

Fig. 4E

ATC ACA TTC TGG CGG GAA TAT TCA GTC AAA GGA CCA ACC ACA AGA TCA	400
Ile Thr Phe Trp Arg Glu Tyr Ser Val Lys Gly Pro Thr Thr Arg Ser	
90 95 100	
GAT GTC AAC AAA GAG AAA ATT GAT GTT ATG GGC CTT CTG ACT GGC TTA	448
Asp Val Asn Lys Glu Lys Ile Asp Val Met Gly Leu Thr Gly Leu	
105 110 115 120	
ATT GCG GCT GGA GTA TTC TTG GTT GTT TTT GGC TTA CTT GGT TAC TAT	496
Ile Ala Ala Gly Val Phe Leu Val Val Phe Gly Leu Leu Gly Tyr Tyr	
125 130 135	
CTG TGT ATC ACC AAG TGT AAT AGG CAG CCA TAT CAA GGT TCT TCA GCT	544
Leu Cys Ile Thr Lys Cys Asn Arg Gln Pro Tyr Gln Gly Ser Ser Ala	
140 145 150	
GTC TAC ACA AGA AGG ACC AGG CAC ACA CCG TCC ATC ATC ATT TTC AGA ACC	592
Val Tyr Thr Arg Arg Thr Arg His Thr Pro Ser Ile Ile Phe Arg Thr	
155 160 165	
CAT GAG GAA GCT GTC TTC TCT CCA TCG TCA TCC TCA GAG GAC GCG GGA	640
His Glu Glu Ala Val Leu Ser Pro Ser Ser Ser Ser Glu Asp Ala Gly	
170 175 180	

Fig. 4F

CTA CCT TCC TAT GAA CAG GCA GTA GCT CTG ACC AGA AAA CAC AGT GTC	688
Leu Pro Ser Tyr Glu Gln Ala Val Ala Leu Thr Arg Lys His Ser Val	200
185	190
TCA CCA CCA CCT CCA TAT CCT GGG CCA GCA AAA GGA TTT AGG GTA TTT	736
Ser Pro Pro Pro Tyr Pro Gly Pro Ala Lys Gly Phe Arg Val Phe	210
205	215
AAA AAG TCA ATG TCA CTC CCA TCT CAC TAAGCCCACC TTGCCGCCCTT	783
Lys Lys Ser Met Ser Leu Pro Ser His	220
220	225
GCTGTGGTCT GAATAATATG TTCTTCCTGA AACAAACAACA ACAAATAAT TTGCTGTTC	843
AGCTTTTAT GACAAAGCAC AAGGAATAAA GGAACACTAT ATACAGAACA GAATTCACCA	903
CAGCCCCGCT TTCAGCTCTG CCCCCAACTG GATTGCTGTC TTGGTAAGAG ACTTCTACCG	963
TGCTTCCTCG AAGTTAAGAA GAAAGTGCCT TTTTGCAATG TAAACTGTAC TGGTTCAAAC	1023
ATTCTTGCTA CAGCTAGGTA CCTATAATCC CCACCTTAGG CCGGAGGGAT	1083
GAGAGTTCAA GGCCAGCCTG GGCCCTGTCA GGACGCTGTC TCAAAACAAA GTTTGTTATC	1143
AATAGAATAA TTAGAATTAA CAAACTAGGA TTTTCAGTCT TAAGTCATGA TATTGGATCT	1203
TCTCTTCAGT AAGGTTTCTT TTTGGCTAGA AATACTTCAT AGAATTGAC ATTTTGGTAT	1263
ACATCTGTGG CCTTGATACA ATGACTTGAT TTTCTGTTTT AATTAGTGA GAGGATTCAG	1323
CAAAATTGCA GGTCTTCATT TTGTTCCCTC GCTATCCATC GATCATGTTT CAGTGTATTA	1383
AGAGGAGTCA GCCAGGCGTG GTGGCCACCA CCTGTGATCC CAGCACTTAG GGGGCGATAG	1443
GCAGGCAGAT CTCTGTGAGC TGAAGGACAG CCTGGCCTAC AAAGTCCAGG ACAACCGAGA	1503
CCACACAGAG AAACCTTGTC TTGAAAAACA AAACAAAAAC AAGAGAGAGA GAGAGAGAGA	1563

Fig. 4G

GAGAAAAGAG ATGTCAAGAG GTTTTGTGT TTTT TTTT AAATTA TATAT TTATGGGCCT 1623
CACTTGGAAG AGTGCTTGCC ATGCAAAATAG AAGGACAGGA GTTCAATCCT CATTACCCAC 1683
ATTTGAAACA AATAACAAGA AAAACAAACC AAAAAACCAA AACAAACAAA ATCTTGAGAA 1743
CTTGAGTGAA TACCGGTAAC CTCAGGGCTA GGCACTGTAA CTGAATCAGG AGCCTCCAGA 1803
TCCAGGGAAA CGCTGTCTCA ACAAATAAAT AAATAAGTAA GTCAGTGAGG TGGTCTTTAA 1863
ACCCAGCACT TGAGAGCCAA AGCAGGCAG AGCTCAGTGA GTTGGAGACC AGCCTGGTCT 1923
ACAAAGCAAG TTCTAAGGA GCCAGGGCAC AGAGAAACCC TGTCTGAAGG AAAAAAAAAA 1983
AAAAAAAAAG GCGGCCGC 2002

Fig. 4H

```

G      1  ATGTTTCTGCTTCTGGTGGTACTCAGCCAGCTGCCCAGACTTACCCCTCGC  50
      |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||
H      1  ATGTTTACGCTTCTGGTTCTACTCAGCCAACTGCCCACAGTTACCCCTGGG  50

G     51  GGTTCCTCAT...ACAAGAAGCCCTAAAGAAATTCTGAACATGCCCCCAGAAG  97
      |  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||
H     51  GTTTCCTCATTTGCGCAAGAGGTCCAAAGGCTTCTAAGCATGCGGGAGAAG  100

G     98  GAGTCCTTGCATCAAAAAAGCAGCAAGCATCTTTATGCACCGTCGCCCTC  147
      |||  |||  |||||  |||  |||||  |||  |||  |||  |||  |||||
H    101  AAGTGTTTACATCAAAAAGAAGCAAACTTTTTCATACATAGACGCCCTT  150

G    148  CTATACAATAGATTGTGATTTAGAACTCTTCACCTCCCGGAACCTGGAGAG  197
      ||  ||  |||||  |||||  ||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||
H    151  CTGTATAATAGATTGTGATCTGGAGCTCTTCACCTCCCGCAACCTAGAAAG  200

G    198  AGAGTGCTATGAGGAGTTCTGTAGTTATGAAGAAGCCAGAGAGATCCTCG  247
      |||||  |||||  |||  |||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||
H    201  AGAGTGCAATGAAGAACTTTGCAATTATGAGGAAGCCAGAGAGATTTTGTG  250

```

Fig. 4I

```

G   248 GGGACAAACGAAGAAATGATCACAATTCTGGCGGGGAATATTTCAGTCAAAGGA 297
      ||| | || ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
H   251 TGGATGAAGATAAAACGATTGCATTTTGGCAGGAATATTTCAGCTAAAGGA 300

G   298 CCAACCACAAGATCAGATGTCAACAAAGAGAAAAATTGATGTTATGGGCCT 347
      ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
H   301 CCAACCACAATAATCAGATGGCAACACAGAGAGAAAAATAGATGTTATGGGCCT 350

G   348 TCTGACTGGCTTAATTGCGGCTGGAGTATCTTGGTTGTTTGGCTTAC 397
      ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
H   351 TCTGACTGGATTAAATTGCTGCTGGAGTATTTTGGTTATTTTGGATTAC 400

G   398 TTGGTTACTATCTGTGTATCACCAAGTGTAATAGGCAGCCATATCAAGGT 447
      ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
H   401 TTGGCTACTATCTTTGTATCACTAAGTGTAATAGGCTACAACATCCATGC 450

G   448 TCTTCAGCTGTCTACACAAGAAGGACCAGGCACACACCCGTCCATCATTTT 497
      ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
H   451 TCTTCAGCCGCTCTATGAAAGGGG...AGGCACACTCCCTCCATCATTTT 497

```

Fig. 4J

```

      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .
G  498 CAGAACCCATGAGGAAGCTGTCTTGTCTCCAT...CGTCATCCTCAGAGG 544
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
H  498 CAGAAGACCTGAGGAGGCTGCCCTTGTCTCCATTGCCGCCCTTCTGTGGAGG 547

      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .
G  545 ACGCGGGACTACCTTCCTATGAACAGGCAGTAGCTCTGACCAGAAAACAC 594
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
H  548 ATGCAGGATTACCTTCTTATGAACAGGCAGTGGCGCTGACCAGAAAACAC 597

      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .
G  595 AGTGTCTCACCCACCCTCCATATCCTGGGCCAGCAAAAGGATTAGGGT 644
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
H  598 AGTGTTTCACCACCACCACCACCATATCCTGGGCACACAAAAGGATTAGGGT 647

      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .
G  645 ATTTAAAAAGTCAATGTCACTCCCCTCTCAC 675
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
H  648 ATTTAAAAAATCTATGTCTCTCTCCCCTCTCAC 678

```

Fig. 4K

Fig. 4L

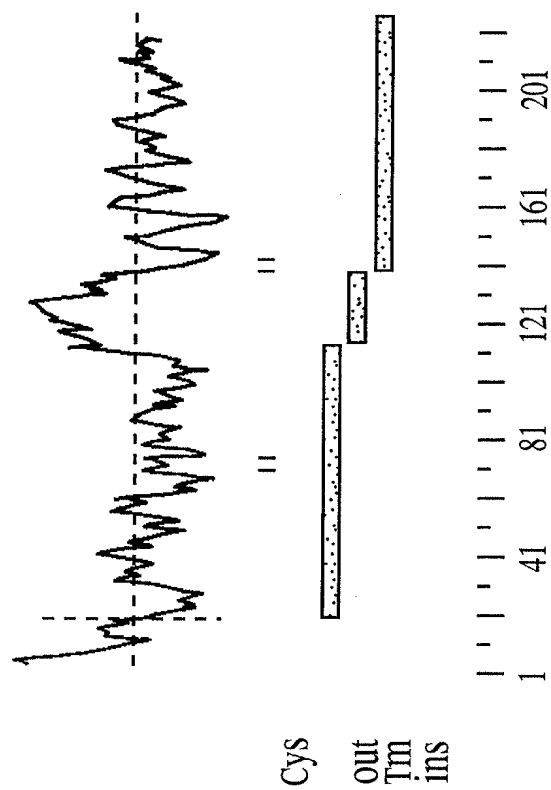


FIG. 4M

GTCGACCCACGCGTCCGGAATGTCGTTCTTCAGATTAAAGAAACCTTTACTGAATCAGCTGAGTGTTAATAATA	79
CGAATTTCTTCTTGCCAAATTTCTGATCTGAACAGAAAAATCCAAGAACAGGGAT ATG TGT GGA TTA CAG TTT	6 152
S L P C L R L F L V V T C Y L L L L L L H	26
TCT CTG CCT TGC CTA CGA CTG TTT CTG GTT GTT ACC TGT TAT CTT TTA TTA CTC CAC	212
K E I L G C S S V C Q L C T G R Q I N C	46
AAA GAA ATA CTT GGA TGT TCG TCT GTT TGT CAG CTC TGC ACT GGG AGA CAA ATT AAC TGC	272
R N L G L S S I P K N F P E S T V F L Y	66
CGT AAC TTA GGC CTT TCG AGT ATT CCT AAG AAT TTT CCT GAA AGT ACA GTT TTT CTG TAT	332
L T G N N I S Y I N E S E L T G L H S L	86
CTG ACT GGG AAT AAT ATA TCT TAT ATA AAT GAA AGT GAA TTA ACA GGA CTT CAT TCT CTT	392
V A L Y L D N S N I L Y V Y P K A F V Q	106
GTA GCA TTG TAT TTG GAT AAT TCT AAC ATT CTG TAT GTA TAT CCA AAA GCC TTT GTT CAA	452
L R H L L Y F L F L N N N F I K R L D P G	126
TTG AGG CAT CTA TAT TTT CTA TTT CTA AAT AAT AAT TTC ATC AAA CGC TTA GAT CCT GGA	512

49/109

Fig. 5A

50/109

I	F	K	G	L	L	N	L	N	L	Y	L	Q	Y	N	Q	V	S	F	146	
ATA	TTT	AAG	GGA	CTT	TTA	AAT	CTT	CGT	AAT	TTA	TAT	TTA	CAG	TAT	AAT	CAG	GTA	TCT	TTT	572
V	P	R	G	V	F	N	D	L	V	S	V	Q	Y	L	N	L	Q	R	N	166
GTT	CCG	AGA	GGA	GTA	TTT	AAT	GAT	CTA	GTT	TCA	GTT	CAG	TAC	TTA	AAT	CTA	CAA	AGG	AAT	632
R	L	T	V	L	G	S	G	T	F	V	G	M	V	A	L	R	I	L	D	186
CGC	CTC	ACT	GTC	CTT	GGG	AGT	GGT	ACC	TTT	GTT	GGT	ATG	GTT	GCT	CTT	CGG	ATA	CTT	GAT	692
L	S	N	N	N	I	L	R	I	S	E	S	G	F	Q	H	L	E	N	L	206
TTA	TCA	AAC	AAT	AAC	ATT	TTG	AGG	ATA	TCA	GAA	TCA	GGC	TTT	CAA	CAT	CTT	GAA	AAC	CTT	752
A	C	L	Y	L	G	S	N	N	L	T	K	V	P	S	N	A	F	E	V	226
GCT	TGT	TTG	TAT	TTA	GGA	AGT	AAT	AAT	TTA	ACA	AAA	GTA	CCA	TCA	AAT	GCC	TTT	GAA	GTA	812
L	K	S	L	R	R	L	S	L	S	H	N	P	I	E	A	I	Q	P	F	246
CTT	AAA	AGT	CTT	AGA	AGA	CTT	TCT	TTG	TCT	CAT	AAT	CCT	ATT	GAA	GCA	ATA	CAG	CCC	TTT	872
A	F	K	G	L	A	N	L	E	Y	L	L	L	K	N	S	R	I	R	N	266
GCA	TTT	AAA	GGA	CTT	GCC	AAT	CTG	GAA	TAC	CTC	CTC	CTG	AAA	AAT	TCA	AGA	ATT	AGG	AAT	932
V	T	R	D	G	F	S	G	I	N	N	L	K	H	L	I	L	S	H	N	286
GTT	ACT	AGG	GAT	GGG	TTT	AGT	GGA	ATT	AAT	AAT	CTT	AAA	CAT	TTG	ATC	TTA	AGT	CAT	AAT	992

Fig. 5B

D L E N L N S D T F S L L K N L I Y L K 306
 GAT TTA GAG AAT TTA AAT TCT GAC ACA TTC AGT TTG TTA AAG AAT TTA ATT TAC CTT AAG 1052

 L D R N R I I S I D N D T F E N M G A S 326
 TTA GAT AGA AAC AGA ATA ATT AGC ATT GAT AAT GAT ACA TTT GAA AAT ATG GGA GCA TCT 1112

 L K I L L N L S F N N L T A L H P R V L K 346
 TTG AAG ATC CTT AAT CTG TCA TTT AAT AAT CTT ACA GCC TTG CAT CCA AGG GTC CTT AAG 1172

 P L S S L I H L Q A N S N P W E C N C K 366
 CCG TTG TCT TCA TTG ATT CAT CTT CAG GCA AAT TCT AAT CCT TGG GAA TGT AAC TGC AAA 1232

 L L G L R D W L A S S A I T L N I Y C Q 386
 CTT TTG GGC CTT CGA GAC TGG CTA GCA TCT TCA GCC ATT ACT ACT AAC ATC TAT TGT CAG 1292

 N P P S M R G R A L R Y I N I T N C V T 406
 AAT CCC CCA TCC ATG CGT GGC AGA GCA TTA CGT TAT ATT AAC ATT ACA AAT TGT GTT ACA 1352

 S S I N V S R A W A V V K S P H I H K 426
 TCT TCA ATA AAT GTA TCC AGA GCT TGG GCT GGT GTA AAA TCT CCT CAT ATT CAT CAC AAG 1412

 T T A L M M A W H K V T T N G S P L E N 446
 ACT ACT GCG CTA ATG ATG GCC TGG CAT AAA GTA ACC ACA AAT GGC AGT CCT CTG GAA AAT 1472

51 / 109

Fig. 5C

52/109

T	E	T	E	N	I	T	F	W	E	R	I	P	T	S	P	A	G	R	F	466
ACT	GAG	ACT	GAG	AAC	ATT	ACT	TTC	TGG	GAA	CGA	ATT	CCT	ACT	TCA	CCT	GCT	GGT	AGA	TTT	1532
F	Q	E	N	A	F	G	N	P	L	E	T	T	A	V	L	P	V	Q	I	486
TTT	CAA	GAG	AAT	GCC	TTT	GGT	AAT	CCA	TTA	GAG	ACT	ACA	GCA	GTG	TTA	CCT	GTG	CAA	ATA	1592
Q	L	T	T	S	V	T	L	N	L	E	K	N	S	A	L	P	N	D	A	506
CAA	CTT	ACT	ACT	TCT	GTT	ACC	TTG	AAC	TTG	GAA	AAA	AAC	AGT	GCT	CTA	CCG	AAT	GAT	GCT	1652
A	S	M	S	G	K	T	S	L	I	C	T	Q	E	V	E	K	L	N	E	526
GCT	TCA	ATG	TCA	GGG	AAA	ACA	TCT	CTA	ATT	TGT	ACA	CAA	GAA	GTT	GAG	AAG	TTG	AAT	GAG	1712
A	F	D	I	L	L	A	F	F	I	L	A	C	V	L	I	I	F	L	I	546
GCT	TTT	GAC	ATT	TTG	CTA	GCT	TTT	TTC	ATC	TTA	GCT	TGT	GTT	TTA	ATC	ATT	TTT	TTG	ATC	1772
Y	K	V	V	Q	F	K	Q	K	L	K	A	S	E	N	S	R	E	N	R	566
TAC	AAA	GTT	GTT	CAG	TTT	AAA	CAA	AAA	CTA	AAG	GCA	TCA	GAA	AAC	TCA	AGG	GAA	AAT	AGA	1832
L	E	Y	Y	S	F	Y	Q	S	A	R	Y	N	V	T	A	S	I	C	N	586
CTT	GAA	TAC	TAC	AGC	TTT	TAT	CAG	TCA	GCA	AGG	TAT	AAT	GTA	ACT	GCC	TCA	ATT	TGT	AAC	1892
T	S	P	N	S	L	E	S	P	G	L	E	Q	I	R	L	H	K	Q	I	606
ACT	TCC	CCA	AAT	TCT	CTA	GAA	AGT	CCT	GGC	TTG	GAG	CAG	ATT	CGA	CTT	CAT	AAA	CAA	ATT	1952

Fig. 5D

V	P	E	N	E	A	Q	V	I	L	F	E	H	S	A	L	*	623
GTT	CCT	GAA	AAT	GAG	GCA	CAG	GTC	ATT	CTT	TTT	GAA	CAT	TCT	GCT	TTA	TAA	2003
CTCAACTAAATATTGTCATATAAGAAACTTCAGTGCCATGGACATGATTTAAACTGAAACCTCCTTATATATAATTATATAC																	2082
TTTAGTTGGAAATATAATGAATTATATAGAGGTAGCATTATTAAATATGTTTTTAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGG																	2161
GCGGCCGC																	2169

Fig. 5E

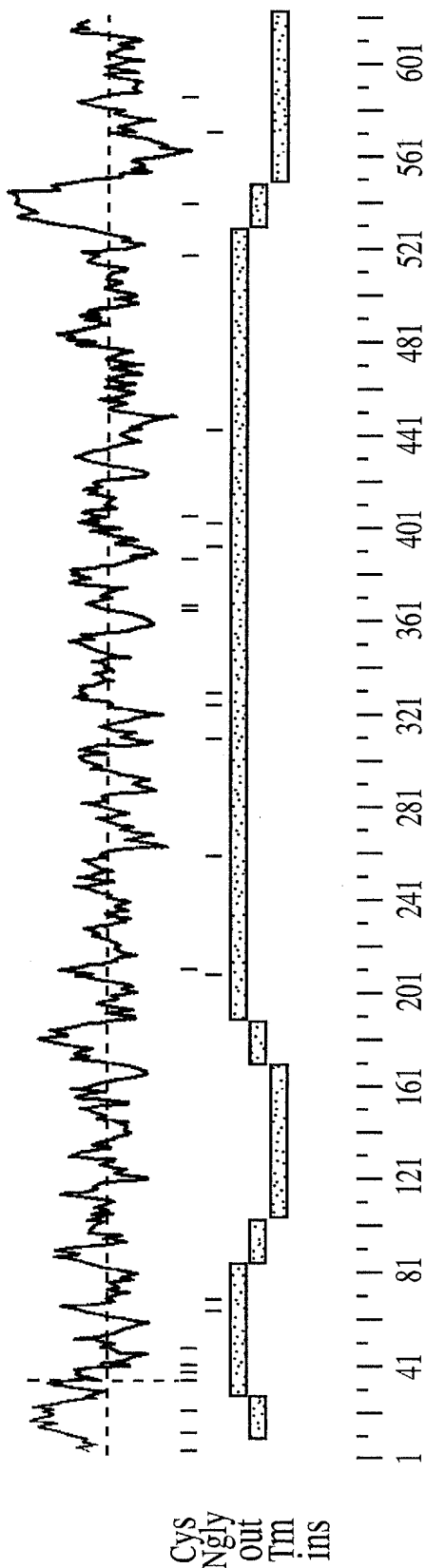


FIG. 5F

Fig. 5G

```

280      290      300      310      320      330      340
Slit AACTCSNNIVDCRGKGLTEIPTNLPETITEIRLEQNTIKVIPGAFSPYKKLRRIDLNNQISELAPDAF
325 -----LR-----LRILDLNNNI-----
      190

350      360      370      380      390      400      410
Slit QGLRSLNSLVLYGNKITELPKSLFEGFLSLQLLLNANKINCLRVDAFQDLHNLNLLSLYDNKLQTIAGK
      ::      ::      ::      ::      ::      ::
325 --LR-----ISE-----SGFQHLENLACL-----
      200

420      430      440      450      460      470      480
Slit TFSPLRAIQTMHLAQNPFCIDCHLKWLAADYLHTNPIETSGARCTSPRRLANKRIGQIKSKKFRCSAKEQY
      ::      ::      ::      ::      ::
325 -----YLGSN-----
      210

490      500      510      520      530      540      550
Slit FIPGTEDYRSKLSGDCFADLACPEKCRCEGTTVDCSNQKLNKIPEHIPQYTAELRLNNNEFTVLEATGIF
      ::      ::      ::      ::      ::
325 -----NLTKVP-----SNAFEVLKS-----
      220

```

Fig. 5H

Fig. 51

```

      840      850      860      870      880      890      900
Slit  GNDISVPEGAFNDLSALSHLAIGANPLYCDNCNMQLSDWVKSEYKEPGIARCAGPGEMADKLLITPSK
      325  -----SSLIHLQANSNPWECNCKLLGLRDWLAS-----
           350      360      370

      910      920      930      940      950      960      970
Slit  KFTCQGPVDVNILAKCNPCLSNPCKNDGTCNSDPVDFYRCTCPYGFKGQDCDVPIHACISNPCKHGGTCH
           ... ..:
      325  -----SAITLNI-----Y-----CQNP-----PSMRG-----
           380                                390

      980      990      1000     1010     1020     1030     1040
Slit  LKEGEDGFWCICADGFEGENCEVNVDDCEDNDCENNSTCVDGINNYTCLCPPEYTGELCEEKLDCAQD
           ... :
      325  -----RALRYI-----NITNCV-----
           400

      1050     1060     1070     1080     1090     1100     1110
Slit  LNPCQHDSKCILTPKGFKCDCTPGYVGEHCDDIDFDDCQDNKCKNGAHCTDAVNGYTCICPEGYSGLFCEE
           :...:
      325  -----TSSIN-----
           410

```

Fig. 5J

```

1120      1130      1140      1150      1160      1170      1180
Slit  SPPMVLPRTPCDNFDQNGAQCIVRINEPICQCLPGYQGEKCEKLVSVNFINKESYLQIPSAKVRPQTN
      .:. .
325  -----VSRAWA-----VVK-----SPHHHKTTALMMAWHKV-----
      420      430

1190      1200      1210      1220      1230      1240      1250
Slit  ITLQIATEDSGILLYKGDKDHIAVELYRGRVRASYDTGSHPASAIYSVETINDGNFHIVELLALDQSL
      .:. . : . . . . . : . . . . . : . . . . . : . . . . . : .
325  -----TTNGSP-----LENTETENIT-----FWERIPTS-----PAGRFFQENAFGNP-LETTAVLPVQIQLT
      440      450      460      470      480

1260      1270      1280      1290      1300      1310      1320
Slit  LSVDDGNPKIITNLSKQSTLNFDSPLYVGGMPGKSNVASLRQAPGQNGTSFHGCIRNLYINSELQDFQKV
      .:. . : . . . . . : . . . . . : . . . . . : . . . . . : .
325  TSV-----TLNLEKNSALPNDA-----SMGKTSLI-----CT-----QEVEKL
      490      500      510      520

1330      1340      1350      1360      1370      1380      1390
Slit  PMQTGILPGCEPCHKVKVCAHGTCPSSQAGFTCECQEGWMGPLCDQRTNDPCLGNKCVHGTCLPINAFSY
      .:. .
325  NEAFDILLA-----F-----FIL
      530

```

Fig. 5K

```

1400      1410      1420      1430      1440      1450      1460
Slit  SCKCLEGHGVLCDDEEDLFNPCQAICKKHGKCRLSGLGQPYCECSSGYTGDSCDREISCRGERIRDYYQ
      ::      ::      ::      ::      ::      ::      ::
      ::      ::      ::      ::      ::      ::      ::
325 AC-----VL-----IIFLIYKVVQFKQ---KLKA-----SENS-----RENRL-EYY-
      540      550      560      570

1470      1480      1490      1500      1510      1520
Slit  KQQGYAACQTTK-KVSRLECRGGCAGGCCGGLRSKRRKYSFECTDGSSFVDEVEKVVVKCGCTRCVS
      ..      ::      ::      ::      ::      ::      ::
      ::      ::      ::      ::      ::      ::      ::
325 ---SF--YQSARYNVTASICNTSPNSLESPPGLEQIRLHK-----QIVPENEAQVI-LFEHSAL
      580      590      600      610      620

```

Fig. 5L

```
10      20      30      40      50      60      70
Slit  CAGAGCAGGTGGAGAGGGCGGTGGAGCGGTGTCCTGAGTGGGCTCTACTGCCTTGTTCCATATTATT
325  -----

80      90      100     110     120     130     140
Slit  TTGTGCACATTTTCCCTGGCACTCTGGGTTGCTAGCCCCCGGGCACTGGGCCCTCAGACACTGCGCGGT
325  -----

150     160     170     180     190     200     210
Slit  TCCCTCGGAGCAGCAAGCTAAAGAAAGCCCCCAGTGCCGGCGAGGAAGAGCGCGGGGAAAGATGCGC
325  -----

220     230     240     250     260     270     280
Slit  GCGGTTGGCTGGCAGATGCTGTCCCTGTGCTGCGTGGGTTAGTGCTGGCGATCCTGAACAAGGTGCCACCGC
      ::::
325  -----GTCG-----ACCG-----
```

Fig. 5M-1

```

290      300      310      320      330      340      350
Slit AGCGTGCCCGCGCAGTGCTCTTGCTCGGCAGCACAGTGGACTGTACGGGCTGGCGTGGCAGCGT
325 -----CACG-----CGT
                               10

360      370      380      390      400      410      420
Slit GCCCAGGAATATCCCCGCAACCCGAGAGACTGGATTAAATGGAATAACATCACAGAATTACGAAG
      :::::::::::
325 --CCGGAAATGTC-----
                               20

430      440      450      460      470      480      490
Slit ACAGATTTTGGTCTTAGACATCTAAGAGTTCTTCAGCTTATGGAGAAATAAGATTAGCACCATTGAAA
      :::::::::::
325 -----GTTCTTCAGATTTAAAAAGAAAA-----CCTTTA-----
                               30      40      50

500      510      520      530      540      550      560
Slit GAGGAGCATTCAGGATCTTAAAGAACTAGAGAGAGACTGCCGTTTAAACAGAAATCACCTTCAGCTGTTTCC
      :::::::::::
325 -----CTGAATC-----AGCT-GAGTG-----TTAAT-----AATACG-----AATTTC
                               60      70      80

```

Fig. 5M-2

```

570      580      590      600      610      620      630
Slit  TGAGTTGCTGTTTCTTGGGACTGCGAAGCTATACAGGCTTGATCTCAGTGAAAACCAAATTCAGGCAATC
:      ::::: : :::: ::::: :::: :::: :::: :::: ::::
325 T-----TTTCTTG---C--CAATTCTGATCTGA-----ACAGA-AAATCCAAGAACAGG-----
          90          100          110          120          130

640      650      660      670      680      690      700
Slit  CCAAGGAAAGCTTCCGTGGGGCAGTTGACATAAAAAAATTGCAACTGGATTACAACCAAGATCAGCTGTA
:      ::::: : :::: : :::: : :::: : :::: : ::::
325 -----GATATGTG-----TGGATTACA-----GTT
          140          150

710      720      730      740      750      760      770
Slit  TTGAAGATGGGGCATTCAAGGGCTCTCCGGGACCTGGAAGTGCTCACTCTCAACAATAACAACATTACTAG
:      ::::: : :::: : :::: : :::: : :::: : ::::
325 TT-----CTCT-----GCT-----TGC-----CTACGA-----
          160          170

780      790      800      810      820      830      840
Slit  ACTTCTGTGGCAAGTTTCAACCATAATGCCCTAAACTTAGGACTTTTCGACTGCATTCAAACAACCTGTAT
:      ::::: : :::: : :::: : :::: : :::: : ::::
325 -----CTGTTTCTGGTTGTTACCTGTTA-----TCTTTT-----AT
          180          190          200

```

Fig. 5M-3

```

      850      860      870      880      890      900      910
Slit  TGTGACTGCCACCTGGCCTGGCTCTCCGACTGGCTTCGCCAAAGCCCTCGGTTGGTCTGTACTCAGT
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
325  TATTACT-CCACAAAG-----AAATAC-----TTGGA-TGTTCTG-TC--T
      210      220      230

      920      930      940      950      960      970      980
Slit  GTATGGGCCCCCTCCACCTGAGAGGCCATAATGTAGCCGAGGTTCAAAAACGAGAAATTGTCTGCAGTGG
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
325  GTTTG-----TC-----AGC-----TCTGCACCTGG
      240      250

      990      1000     1010     1020     1030     1040     1050
Slit  TCACCAGTCAATTATGGCTCCTTCTTGTAGTGTTTTGCACTGCCCTGCCGCTGTACCTGTAGCAACAAT
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
325  G-----AGACAAATTA-----ACTGCC-----GTAACCTTAGGC-----
      260      270      280

      1060     1070     1080     1090     1100     1110     1120
Slit  ATCGTAGACTGTCGTGGAAAGTCTCACTGAGATCCCCACAAATCTTCCAGAGACCATCACAGAAATAC
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
325  -----CTTTCGAG-----TATTC---CTAAGA-----ATTTTCCTGAAA--GT-ACAGTTTTC
      290      300      310      320

```

Fig. 5M-4

Fig. 5M-5

Fig. 5M-6

Fig. 5M-7

```

1970      1980      1990      2000      2010      2020      2030
Slit AAATACTTCTTACGAGTAATCGTTTGGAAATGTGCAGCATAAGATGTTCAAGGGATTGGAAAGCCTCAA
      :::::      :: :::::
325 --ATACTT-----GATTATC-----A
      690

2040      2050      2060      2070      2080      2090      2100
Slit AACTTTGATGTTGAGAAGCAATCGAATAACCTGTGTGGGAATGACAGTTTCATAGGACTCAGTTCTGTG
      :::      :::::      :: :::::      :::::
325 AAC-----AATAAC--ATTTGAGGATATCAGAATCAG-----
      700      710      720

2110      2120      2130      2140      2150      2160      2170
Slit CGTTTGCTTCTTGTATGATAATCAAATTACTACAGTTGCACCAGGGCATTTGATACTCTCCATTCTT
      :::::
325 -----GCTTTC-----
      730

2180      2190      2200      2210      2220      2230      2240
Slit TATCTACTCTAAACCTCTTGGCCAATCCCTTTTAACTGTAACCTGCTACCTGGCTTGGTTGGGAGAGTGGCT
      :: :::::      :::::      :::::      :::::
325 -----AACATCTTGA--AAACCTT-----GCTTGTTTGTAT-----T
      740      750      760

```

Fig. 5M-8

```

2250      2260      2270      2280      2290      2300      2310
Slit  GAGAAAGAGAGAAATTGTCACGGGAAATCCTAGATGTCAAAAACCATACTTCCTGAAAGAAATACCCATC
      :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: ::::::::::::::
325  TAGGAAGTAATAATTTA--ACAAAAGTACC-----ATCAAATGCCCTTT-----GAAGTAC-----
      770      780      790      800      810

2320      2330      2340      2350      2360      2370      2380
Slit  CAGGATGTGGCCATTTCAGGACTTCACCTTGATGACGGAAATGATGACAATAGTTGCTCCCACTTTCTC
      :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: ::::::::::::::
325  -----TTAAAAGTCCTT-----AGAAAGACTTT-----CTTTGTCTC
      820      830      840

2390      2400      2410      2420      2430      2440      2450
Slit  GCTGTCCCTACTGAATGTACTTTGCTTGGATACAGTCGTCCTCGATGTAGCAACAAGGTTTGAAGGTCTTGCC
      . . . . . :::::::::: : :: :: :: :::::::::::::: ::::::::::::::
325  ATAATCCTATTGAA-----GCA---ATACAG-C--CCTTTG---CA-----TTTAAAGGACTTGCC
      850      860      870      880      890

2460      2470      2480      2490      2500      2510      2520
Slit  GAAAGGTATTCCAAGAGATGTCACAGAGTTGTATCTGGATGGAAACCAATTACACTGGTTCCCAAGGAA
      :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: ::::::::::::::
325  AA-----TCTGGA---ATACC-----TCC-----
      900

```

Fig. 5M-9

```

2530      2540      2550      2560      2570      2580      2590
Slit CTCCTCCAACACTACAAACATTTAAACACTTATAGACTTAAGTAACAACAGAATAAGCACGCTTTCTTAATCAGA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 ---TCCTGAAAAAATTCAAGAA-----TTAGGA---ATGTTACTA-GGGATGGG-----TTTAGT--GG
      910      920      930      940      950

2600      2610      2620      2630      2640      2650      2660
Slit GCTTCAGCAACATGACCCAGCTCCTCACCTTAATTCTTAGTTACAACCGTCTGAGATGTATTCCCTCCTCG
      . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 AATTAATAATCTTAA-----ACATTTGATCTTAA-----GTCA-TAATGA-----
      960      970      980      990

2670      2680      2690      2700      2710      2720      2730
Slit CACCTTTGATGGATTAAAGTCTCTTCGATTACTTTCTCTACATGGAATGACATTTCTGTGTGCCTGAA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 ----TTAGAGAAATTTAAAT----TCGACACATTCAGT--TTGTTAAAGA-ATT--TAATTTACCTTAA
      1000     1010     1020     1030     1040     1050

2740      2750      2760      2770      2780      2790      2800
Slit GGTGCTTTCAAATGATCTTTCTGCATTATCACATCTAGCAATTGGAGCCCAACCCTCTTTACTGTGATTGTA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 G-----TTAGATAGAA---ACAGAAATAAT-----TAGCATT-----GATAATGAT
      1060      1070      1080

```

Fig. 5M-10

```

2810      2820      2830      2840      2850      2860      2870
Slit ACATGCAGTGGTTATCCGACTGGGTGAAGTCGGAATATAAGGAGCCTGGAATTGCTCGTTGTGCTGGTCC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 ACAT-----TTGAAAAATATGGGAGCAT-----CTTTGAA--GATCC
      1090      1100      1110      1120

2880      2890      2900      2910      2920      2930      2940
Slit TGGAGAAATGGCAGATAAACTTTTACTCACAACCTCCCTCCAAAAAATTTACCTGTCAAGGTCCTGTGGAT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 T-----TAATCTGTGCAT-----
      1130

2950      2960      2970      2980      2990      3000      3010
Slit GTCAATATTCTAGCTAAGTGTAACCCCTGCCTATCAAAATCCGTGTAAAAAATGATGGCACATGTAATAGTG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 -TTAATAATCTTACA-----GCCTTGC--ATCCAAG-----G
      1140      1150      1160

3020      3030      3040      3050      3060      3070      3080
Slit ATCCAGTTGACTTTTACCGATGCACCTGTCCATATGGTTTCAAGGGCAGGACTGTGATGTCCCAATTCA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 GTCC-----TTAAGCCGT-----TGTC-----TTCATTG-----ATTCA
      1170      1180      1190

```

Fig. 5M-11

```

3090      3100      3110      3120      3130      3140      3150
Slit  TGCCTGCATCAGTAACCCATGTAAACATGGAGGAACCTTGCCACTTAAAGGAAGGAGAAAGATGGATT
:      :      :      :      :      :      :
325  T-----CTTCAGG-----CAAATT-----CTAATC-CTT-----GGGAATGTAAC TGCAAAC
1200      1210      1220      1230

3160      3170      3180      3190      3200      3210      3220
Slit  TGGTGTAATTGTGCTGATGGATTGAAGGAGAGAAAATTGTGAAGTCAACGTTGATGATTGTGAAGATAATG
:      :      :      :      :      :      :
325  T-----TTTGGGC-----CTTCGA-----G
1240

3230      3240      3250      3260      3270      3280      3290
Slit  ACTGTGAAAATAATTCTACATGTGTCGATGGCATTAATAACTACACATGCCCTTTGCCACCTGAGTATAC
:      :      :      :      :      :      :
325  ACTG-----GC-----TAGCAT-----CTTCA--GCCATTAC-----
1250      1260      1270

3300      3310      3320      3330      3340      3350      3360
Slit  AGGTGAGTTGTGTGAGGAGAAGCTGGACTTCTGTGCCCCAGGACCTGAACCCCTGCCAGCACGATTCAAAG
:      :      :      :      :      :      :
325  -----TCTAAACATCTATT-----GTCAGAAATCCCC-----
1280      1290

```

Fig. 5M-12


```

3370      3380      3390      3400      3410      3420      3430
Slit  TGCATCCTAACTCCAAAGGGATTCAAATGTGACTGCACACCCAGGTACGTAGGTGAACACTGCGACATCG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  --CATCCATGC-----GTGGCAGAGCA-----TTACGTT-----
1300      1310      1320

3440      3450      3460      3470      3480      3490      3500
Slit  ATTTGACGACTGCCAAGACAACAAGTGTAACGAGCCCACTGCACAGATGCAGTGAACGGCTATAC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  ATATTAAC-----ATTACAAATTGTGTTA-----CATCTTCA-----ATAA
1330      1340      1350      1360

3510      3520      3530      3540      3550      3560      3570
Slit  GTGCATATGCCCCGAAGGTTACAGTGGCTTGTCTGTGAGTTTCTCCACCCATGGTCCCTCCCTCGTACC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  ATGTAT-----CCAGAG-----CTTGGGCT-GTT-----GTAAAAATCTCCTC--ATATTCAATCACAAGA--C
1370      1380      1390      1400      1410

3580      3590      3600      3610      3620      3630      3640
Slit  AGCCCCGTGATAAATTTTGATTGTCAGAAATGGAGCTCAGTGTATCGTCAGAAATAAATGAGCCAAATATGTC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  TAC---TGCGGCTAAT---GATGGCCCTG-----GCATAAAGTAAC--CA-----CAA-ATGGC
1420      1430      1440      1450

```

Fig. 5M-13

```

3650      3660      3670      3680      3690      3700      3710
Slit AGTGTTCCTGGCTATCAGGGAGAGAAAGTGTGAAATTTAGTTAGTTATATAACAAAGAGTC
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 AGT-----CCT--CT-----GGAAAATACTGAGAC-----TGAGAACATTACTTTCTGGGAA--
1460      1470      1480      1490      1500

3720      3730      3740      3750      3760      3770      3780
Slit TTATCTTCAGATTCCCTTCAGCCCAAGTTTCGGCCTCAGACGAACATAACACTTCAGATTGCCACAGATGAA
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 -----CGAATTCCTAC-----TTCACCTGCTGGTAGA-TTTTTTCAAGAGAAATGCCCTTTGGTAA-
1510      1520      1530      1540      1550

3790      3800      3810      3820      3830      3840      3850
Slit GACAGCGGAATCCTCTGTATAAGGTGACAAAGACCATATCGCGGTAGAACTCTATCGGGGCGTGTTC
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 -----TCCATTA-----GAGACTA-----CA----GCAGTGTAC-CTGT-----GCAAATAC
1560      1570      1580      1590

3860      3870      3880      3890      3900      3910      3920
Slit GTGCCAGCTATGACACCGGCTCTCATCCAGCTTCTGCCATTACAGTGTGGAGACAATCAATGATGGAAA
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 AA-CTTACTA-----CTTCTGTTACCTTGAAC-T---TGGAAAAAACAAGTGCT-----
1600      1610      1620      1630

```

Fig. 5M-14

```

3930      3940      3950      3960      3970      3980      3990
Slit CTTCCACATTGTGGAACACTACTTGCCCTTGGATCAGAGTCTCTCTTTGTCCGTGGATGGTGGGAACCCCAA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 CTACCG---AATGATGCTGCTT-----CAATGTC-----AGGGAA-----
1640      1650      1660

4000      4010      4020      4030      4040      4050      4060
Slit ATCATCACTAACTTGTCAAAGCAGTCCACTCTGAATTTTGACTCTCCACTCTATGTAGGAGCATGCCAG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 AACATCTCTAATTGT-----ACACAAGAAAGTTGA-----
1670      1680      1690

4070      4080      4090      4100      4110      4120      4130
Slit GGAAGAGTAACGTGGCATCTCTGCGCCAGGCCCTTGGCAGAACGGAACAGCTTCCACGGCTGCATCCG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 -GAAGTTGAATGAGGCTT-----TTGACATTTTG---CTAGCTT-----
1700      1710      1720      1730

4140      4150      4160      4170      4180      4190      4200
Slit GAACCTTTACATCAACAGTGAGCTGCAGGACTTCCAGAAGGTGCCGATGCAAAACAGGCATTTTGCCTGGC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 -----TTTTCATC-----TTAGCTT-----GTG-----TTTAAATCATTTT-----
1740      1750      1760

```

Fig. 5M-15

Fig. 5M-16

```

4490      4500      4510      4520      4530      4540      4550
Slit GCAGGCTTTTCAGGTC TGGGCAGCCCTACTGTGAATGCAGCAGTGATACACGGGGACAGCTGTGATCG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 CCTGGCTT-----GGAGCAG-----ATTC-----GACTTCA-TAAACA
1920      1930      1940

4560      4570      4580      4590      4600      4610      4620
Slit AGAAATCTCTTGTCTGAGGGGAAAGGATAAGAGATTATTACCAAAAGCAGGCTATGCTGCTTGCCAA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 AATTGT-TC-----TGAAAATGAG-----GCA-CAGGTC-ATTCTTTTGTG---A
1950      1960      1970      1980

4630      4640      4650      4660      4670      4680      4690
Slit ACAACCAAGAGGTGTCCCGATTAGAGTGCAGAGGTGGTGTGCAGGAGGCAGTGCTGTGGACCGCTGA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 ACATTC-----TGCTTTATAACTC---
1990      2000

4700      4710      4720      4730      4740      4750      4760
Slit GGAGCAAGCGGCGGAAATACTCTTTCGAATGCACGTGACGGCTCCTCTTGTGGACGAGGTTGAGAAAAGT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 --AACTAA-----ATATTGTCTATAAGAAACT---TCAGTGCCA-----TGGACATGATTTAAA----
2010      2020      2030      2040      2050

```

Fig. 5M-17

Fig. 5M-18

[illegible]

Fig. 6A

T	Y	G	P	D	C	L	A	C	Q	G	G	S	Q	R	P	C	S	G	N	151
ACC	TAC	GGT	CCC	GAC	TGT	CTC	GCA	TGC	CAG	GGC	GGA	TCC	CAG	AGG	CCC	TGC	AGC	GGG	AAT	566
G	H	C	S	G	D	G	S	R	Q	G	D	G	S	C	R	C	H	M	G	171
GGC	CAC	TGC	AGC	GGA	GAT	GGG	AGC	AGA	CAG	GGC	GAC	GGG	TCC	TGC	CGG	TGC	CAC	ATG	GGG	626
Y	Q	G	P	L	C	T	D	C	M	D	G	Y	F	S	S	L	R	N	E	191
TAC	CAG	GGC	CCG	CTG	TGC	ACT	GAC	TGC	ATG	GAC	GGC	TAC	TTC	AGC	TCG	CTC	CGG	AAC	GAG	686
T	H	S	I	C	T	A	C	D	E	S	C	K	T	C	S	G	L	T	N	211
ACC	CAC	AGC	ATC	TGC	ACA	GCC	TGT	GAC	GAG	TCC	TGC	AAG	ACG	TGC	TCG	GGC	CTG	ACC	AAC	746
R	D	C	G	E	C	E	V	G	W	V	L	D	E	G	A	C	V	D	V	231
AGA	GAC	TGC	GGC	GAG	TGT	GAA	GTG	GGC	TGG	GTG	CTG	GAC	GAG	GGC	GCC	TGT	GTG	GAT	GTG	806
D	E	C	A	A	E	P	P	P	C	S	A	A	Q	F	C	K	N	A	N	251
GAC	GAG	TGT	GCG	GCC	GAG	CCG	CCT	CCC	TGC	AGC	GCT	GCG	CAG	TTC	TGT	AAG	AAC	GCC	AAC	866
G	S	Y	T	C	E	E	C	D	S	S	C	V	G	C	T	G	E	G	P	271
GGC	TCC	TAC	ACG	TGC	GAA	GAG	TGT	GAC	TCC	AGC	TGT	GTG	GGC	TGC	ACA	GGG	GAA	GGC	CCA	926
G	N	C	K	E	C	I	S	G	Y	A	R	E	H	G	Q	C	A	D	V	291
GGA	AAC	TGT	AAA	GAG	TGT	ATC	TCT	GGC	TAC	GCG	AGG	GAG	CAC	GGA	CAG	TGT	GCA	GAT	GTG	986

80/109

Fig. 6B

D	E	C	S	L	A	E	K	T	C	V	R	K	N	E	N	C	Y	N	T	311	
GAC	GAG	TGC	TCA	CTA	GCA	GAA	AAA	ACC	TGT	GTG	AGG	AAA	AAC	GAA	AAC	TGC	TAC	AAT	ACT	1046	
P	G	S	Y	V	C	V	C	P	D	G	F	E	E	T	E	D	A	C	V	331	
CCA	GGG	AGC	TAC	GTC	TGT	GTG	TGT	CCT	GAC	GGC	TTC	GAA	GAA	ACG	GAA	GAT	GCC	TGT	GTG	1106	
P	P	A	E	A	E	A	T	E	G	E	S	P	T	Q	L	P	S	R	E	351	
CCG	CCG	GCA	GAG	GCT	GAA	GCC	ACA	GAA	GGA	GAA	AGC	CCG	ACA	CAG	CTG	CCC	TCC	CGC	GAA	1166	
D	L	*																		354	
GAC	CTG	TAA																		1175	
TGT	GCC	GACTT	ACCC	TTT	AAATT	ATTC	AGA	AGG	ATG	TCCC	GTGG	AAAT	GTGG	CCCT	GAG	GAT	GCC	GTCT	CCT	GCAGT	1254
GGAC	AGC	GGCGG	GAG	AGG	CTGC	CTCT	CTA	ACGG	TGATT	CTCAT	TTGT	CCCC	TTAA	ACAG	CTGC	ATTT	CTT	GGTTG		1333	
TTCT	TAA	ACAG	ACTT	GTAT	ATTT	TGAT	ACAG	TTCT	TTTG	TAA	TAAAA	ATTG	ACC	ATTG	TAG	GTAAT	CAAAAA	AAAA	AAAA	AAAA	1412
AAAA	AGG	CGG	CGC	GCT	AGAC															1432	

Fig. 6C

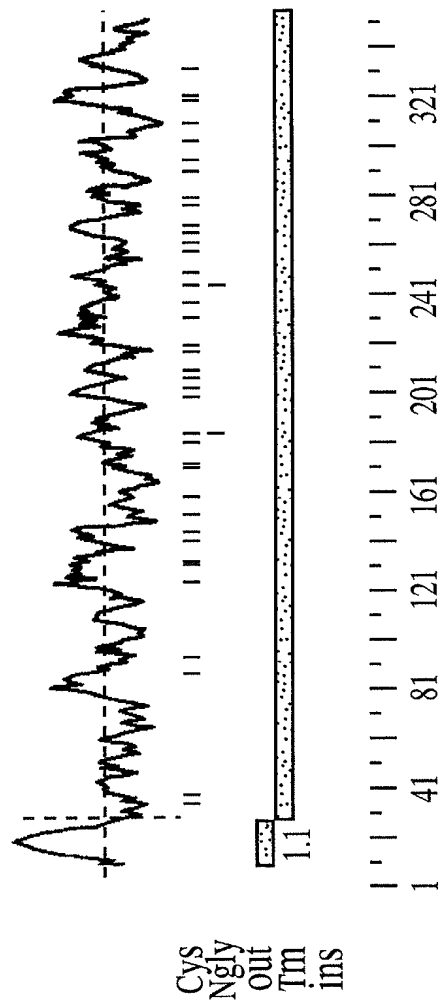


FIG. 6D

```

      10      20      30      40      50
C  --GTAGCCGGG--GGAACGGC-CGGC-----GCGCTTG-----CCGGTGGGCGGAGCGGAGACT-CCACA
      . . . . . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      : : : : . : . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H  ACGCGTCCGCACANGCCGCGCGGCTGGGAGCGGGTGGGCGGCCGGAGCGCGGAGCCGAGCAGCACGGCCGCA
      10      20      30      40      50      60      70

      60      70      80      90      100     110
C  G---CAGTT-CTC-TGCCG-GTCG-CCCGCGAGTGC-ACCCGCCCATGCACCTGCCGC-CCGCTGCCGCAG
      : : : : . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H  GGACCTGGAGCTCCGGCTGCGTCTTCCCGC-AGCGCTACCCGCCCATGCGCCTGCCGCGCCG-GGCCGCGC
      80      90      100     110     120     130

      120     130     140     150     160     170     180
C  TCGGGCT---GCTACTGCTGCTGCTGCCGCCCTCCCGCGCGGTGGCCTCCCGGAAGCCGACAATGTGCCA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H  TGGGGCTCCTGCCGCTTCTGCTGCTGCTGCCGCCCGCGCGGAGCCGCCAAGAAGCCGACGCCCTGCCA
      140     150     160     170     180     190     200

      190     200     210     220     230     240     250
C  GAGGTGCCGGCGCTGGTGGACAAAGTTCAACCCAGGGGATGGCCAAACACGCGCCAGGAAGAAATTTCGGCGGC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H  CCGGTGCCGGGGCTGGTGGACAAAGTTTAACCCAGGGGATGGTGGACACCGCCAAAGAAGAACTTTGGCGGC
      210     220     230     240     250     260     270

```

Fig. 6F

Fig. 6G

Fig. 6H

```

      820      830      840      850      860      870      880
C  GCAATGTACAGTACTGTGAAATGTCAACGGCTCCTACACATGTGAAGAGTGTGATTCTACCTGTGTGGG
   :: :: :::::::::::::: :: :::::::::::::: :: :::::::::::::: :: ::::::::::::::
H  GCGCTGCGCAGTTCTGTAAAGAACGCCAACGGCTCCTACACGTGCGAAGAGTGTGACTCCAGCTGTGTGGG
840      850      860      870      880      890      900

      890      900      910      920      930      940      950
C  CTGCACAGGAAAGGCCCAGCCAATTGTAAAGAGTGTATCTCTGGCTACAGCAAGCAGAAAGGAGAGTGT
   :::::::::::::: :: :::::::::::::: :::::::::::::: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H  CTGCACAGGGAAGGCCCAGGAAACTGTAAAGAGTGTATCTCTGGCTACGCGAGGAGCACGGACAGTGT
910      920      930      940      950      960      970

      960      970      980      990      1000      1010      1020
C  GCAGATATAGATGAATGCTCATTAGAAACAAAGGTGTGTAAGAAGGAAATGAGAACTGTACAATACTC
   :::::::::::::: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H  GCAGATGTGGACGAGTGTCTACTAGCAGAAAAAACCTGTGTGAGGAAAAACGAAAACTGTACAATACTC
980      990      1000      1010      1020      1030      1040

      1030      1040      1050      1060      1070      1080      1090
C  CAGGGAGCTTTGTCTGCGTGTGTCCGGAAGGTTTCGAGGAAGACAGAAAGATGCTTGTGTACAGACAGCAG
   :::::::::::::: :: :: :::::::::::::: :: :::::::::::::: :: :::::::::::::: :: :: :: ::
H  CAGGGAGCTACGTCTGTGTGTCTGACGGCTTCGAAGAA-ACGGAAGATGCCCTGTGTGCCCGCCGGCAG
1050      1060      1070      1080      1090      1100      1110

```

Fig. 6I

```

1100      1110      1120      1130      1140      1150
C AAGCGAAGTGGCAGAGGAAAGT--CCC-ACACAGCCACCCTCCCATGAGGATTGTGACGGGCATCCAG
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H AGGCTGAAGCCACAGAGGAGAAAGCCCGACACAGCTGCCCTCCCGCGGAAGA-----CCTG
1120      1130      1140      1150      1160      1170
1160      1170      1180      1190      1200      1210      1220
C GTTCAGAAAGCTGGACTCTCACCCCTTTTAAAGTTATTGAGAGGACATCCTATAGAAAATGTGCCCCATGGAC
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H --TAATGTGCCGGACTT--ACCCTTTAAATTATTCAGAAAGGATGTCCTCCGTGGAATAATGTGCCCTGAGGA
1180      1190      1200      1210      1220      1230

1230      1240      1250      1260      1270      1280      1290
C ATCAACCCCATTTCTCCAGGAAGTTTGG-AGGAAGAAGCTGCCTGCTTTGAAACAGTAGATACTCACTT
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H TGCCGTCTC---CTGCAGTGGACAGCGCGGGGAGAGGCTGCCTGCTCTCTAACGGTTGATTCTCATTT
1240      1250      1260      1270      1280      1290      1300
1300      1310      1320      1330      1340      1350      1360
C GGCCCTTTAAACGCTGCATTTCTTGGTGGTTCTTAAACAGATTTCGTATATTTTGATACTGTTCTTTATA
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H GTCCCTTAAACA-GCTGCATTTCTTGGTGGTTCTTAAACAGACTTGTATATTTTGATAACAGTTCTTTGTGA
1310      1320      1330      1340      1350      1360      1370

1370      1380      1390
C ATAAAAATTGATCATTTGAAGGTCACCAGGA-----CA-----
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H ATAAAAATTGACCATTGTAGGTAATCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGGGCGCGCTAGAC
1380      1390      1400      1410      1420      1430

```

Fig. 6J

GTCGACCCACGCGTCCGTCCGTGGGCCCCAGCCCTCTCCTCAGCTCGCGCAGTCTCCGCGCAGTCTCAGCTGCAGCTG	79
CAGGACTGAGCCGTGCACCCGGAGGAGACCCCGGAGGCGGACAAACTTCGAGTGCCGCGACCCAAACCCAGCCCT	158
<div style="text-align: center;">M A Q L F L P L L A A L V L A Q</div> GGGTAGCCTGCAGC ATG GCC CAG CTG TTC CTG CCC CTG CTG GCA GCC CTG GTC CTG GCC CAG	16 220
A P A A L A D V L E G D S S E D R A F R GCT CCT GCA GCT TTA GCA GAT GTT CTG GAA GGA GAC AGC TCA GAG GAC CGC GCT TTT CGC	36 280
V R I A G D A P L Q G V L G G A L T I P GTG CGC ATC GCG GGC GAC GCG CCA CTG CAG GGC GTG CTC GGC GGC CTC ACC ATC CCT	56 340
C H V H Y L R P P P S R R A V L G S P R TGC CAC GTC CAC TAC CTG CGG CCA CCG CCG AGC CGC CGG GCT GTG CTG GGC TCT CCG CGG	76 400
V K W T F L S R G R E A E V L V A R G V GTC AAG TGG ACT TTC CTG TCC CGG GGC CGG GAG GCA GAG GTG CTG GTG GCG CGG GGA GTG	96 460
R V K V N E A A Y R F R V A L P A Y P A S CGC GTC AAG GTG AAC GAG GCC TAC CGG TTC CGC GTG GCA CTG CCT GCG TAC CCA GCG TCG	116 520
L T D V S L A L S E L R P N D S G I Y R CTC ACC GAC GTC TCC CTG GCG CTG AGC GAG CTG CGC CCC AAC GAC TCA GGT ATC TAT CGC	136 580

89 / 109

Fig. 7A

C E V Q H G I D D S S D A V E V K V K G 156
 TGT GAG GTC CAG CAC GGC ATC GAT GAC AGC AGC AGC GCT GTG GAG GTC AAG GTC AAA GGG 640

 V V F L Y R E G S A R Y A F S F S G A Q 176
 GTC GTC TTT CTC TAC CGA GAG GGC TCT GCC CGC TAT GCT TTC TCC TTT TCT GGG GCC CAG 700

 E A C A R I G A H I A T P E Q L Y A A Y 196
 GAG GCC TGT GCC CGC ATT GGA GCC CAC ATC GCC ACC CCG GAG CAG CTC TAT GCC GCC TAC 760

 L G G Y E Q C D A G W L S D Q T V R Y P 216
 CTT GGG GGC TAT GAG CAA TGT GAT GCT GGC TGG CTG TCG GAT CAG ACC GTG AGG TAT CCC 820

 I Q T P R E A C Y G D M D G G F P G V R N 236
 ATC CAG ACC CCA CGA GAG GCC TGT TAC GGA GAC ATG GAT GGC TTC CCC GGG GTC CGG AAC 880

 Y G V V D P D D L Y D V Y C Y A E D L N 256
 TAT GGT GTG GTG GAC CCG GAT GAC CTC TAT GAT GTG TAC TGT TAT GCT GAA GAC CTA AAT 940

 G E L F L G D P P E K L L T L E E A R A Y 276
 GGA GAA CTG TTC CTG GGT GAC CCT CCA GAG AAG CTG ACA TTG GAG GAA GCA CGG GCG TAC 1000

 C Q E R G A E I A T T G Q L Y A A W D G 296
 TGC CAG GAG CGG GGT GCA GAG ATT GCC ACC ACG GGC CAA CTG TAT GCA GCC TGG GAT GGT 1060

Fig. 7B

G	L	D	H	C	S	P	G	W	L	A	D	G	S	V	R	Y	P	I	V	316
GGC	CTG	GAC	CAC	TGC	AGC	CCA	GGG	TGG	CTA	GCT	GAT	GGC	AGT	GTG	CGC	TAC	CCC	ATC	GTC	1120
T	P	S	Q	R	C	G	G	G	L	P	G	V	K	T	L	F	L	F	P	336
ACA	CCC	AGC	CAG	CGC	TGT	GGT	GGG	GGC	TTG	CCT	GGT	GTC	AAG	ACT	CTC	TTC	CTC	TTC	CCC	1180
N	Q	T	G	F	P	N	K	H	S	R	F	N	V	Y	C	F	R	D	S	356
AAC	CAG	ACT	GGC	TTC	CCC	AAT	AAG	CAC	AGC	CGC	TTC	AAC	GTC	TAC	TGC	TTC	CGA	GAC	TCG	1240
A	Q	P	S	A	I	P	E	A	S	N	P	A	S	N	P	A	S	D	G	376
GCC	CAG	CCT	TCT	GCC	ATC	CCT	GAG	GCC	TCC	AAC	CCA	GCC	TCC	AAC	CCA	GCC	TCT	GAT	GGA	1300
L	E	A	I	V	T	V	T	E	T	L	E	E	L	Q	L	P	Q	E	A	396
CTA	GAG	GCT	ATC	GTC	ACA	GTG	ACA	GAG	ACC	CTG	GAG	GAA	CTG	CAG	CTG	CCT	CAG	GAA	GCC	1360
T	E	S	E	S	R	G	A	I	Y	S	I	P	I	M	E	D	G	G	G	416
ACA	GAG	AGT	GAA	TCC	CGT	GGG	GCC	ATC	TAC	TCC	ATC	CCC	ATC	ATG	GAG	GAC	GGA	GGA	GGT	1420
G	S	S	T	P	E	D	P	A	E	A	P	R	T	L	L	E	F	E	T	436
GGA	AGC	TCC	ACT	CCA	GAA	GAC	CCA	GCA	GAG	GCC	CCT	AGG	ACG	CTC	CTA	GAA	TTT	GAA	ACA	1480
Q	S	M	V	P	P	T	G	F	S	E	E	E	G	K	A	L	E	E	E	456
CAA	TCC	ATG	GTA	CCG	CCC	ACG	GGG	TTT	TCA	GAA	GAG	GAA	GGT	AAG	GCA	TTG	GAG	GAA	GAA	1540

91/109

Fig. 7C

E K Y E D E E E K E E E E E E E E D 476
 GAG AAA TAT GAA GAT GAA GAG AAA GAG GAG GAG GAG GAG GAG GTG GAG GAT 1600

 E A L W A A W P S E L S S S P G P E A S L P 496
 GAG GCT CTG TGG GCA TGG CCC AGC GAG CTC AGC AGC CCG GGC CCT GAG GCC TCT CTC CCC 1660

 T E P A A Q E K S L S Q A P A R A V L Q 516
 ACT GAG CCA GCA GCC CAG GAG AAG TCA CTC TCC CAG GCG CCA GCA AGG GCA GTC CTG CAG 1720

 P G A S P L P D G E S E A S R P P R V H 536
 CCT GGT GCA TCA CCA CTT CCT GAT GGA GAG TCA GAA GCT TCC AGG CCT CCA AGG GTC CAT 1780

 G P P T E T L P T P R E R N L A S P S P 556
 GGA CCA CCT ACT GAG ACT CTG CCC ACT CCC AGG GAG AGG AAC CTA GCA TCC CCA TCA CCT 1840

 S T L V E A R E V G E A T G G P E L S G 576
 TCC ACT CTG GTT GAG GCA AGA GAG GTG GGG GAG GCA ACT GGT GGT CCT GAG CTA TCT GGG 1900

 V P R G E S E E T G S S E G A P S L L P 596
 GTC CCT CGA GGA GAG AGC GAG ACA GGA AGC TCC GAG GGT GCC CCT TCC CTG CTT CCA 1960

 A T R A P E G T R E L E A P S E D N S G 616
 GCC ACA CGG GCC CCT GAG GGT ACC AGG GAG CTG GAG GCC CCC TCT GAA GAT AAT TCT GGA 2020

92/109

Fig. 7D

R	T	A	P	A	G	T	S	V	Q	A	Q	P	V	L	P	T	D	S	A	636
AGA	ACT	GCC	CCA	GCA	GGG	ACC	TCA	GTG	CAG	GCC	CAG	CCA	GTG	CTG	CCC	ACT	GAC	AGC	GCC	2080
S	R	G	G	V	A	V	V	P	A	S	G	N	S	A	Q	G	S	T	A	656
AGC	CGA	GGT	GGA	GTG	GCC	GTG	GTC	CCC	GCA	TCA	GGT	AAT	TCT	GCC	CAA	GGC	TCA	ACT	GCC	2140
L	S	I	L	L	L	F	F	P	L	Q	L	W	V	T	*					672
CTC	TCT	ATC	CTA	CTC	CTT	TTC	TTC	CCC	CTG	CAG	CTC	TGG	GTC	ACC	TGA					2188
CCT	GTAG	TCC	TTAA	CCCC	ACCAT	CA	TCC	CAAA	CTC	CTC	CTT	TG	CCTT	CAT	TCT	TAC	CC	AC	CT	2267
TCT	CCA	ATC	TC	GG	ATA	TC	AC	CTT	GT	GG	TAT	CT	CAG	CTC	CC	GT	CTT	TAC	CC	2346
CAT	CT	GT	G	AC	CC	TT	GT	GG	CC	CT	CC	AC	CT	CT	CG	CT	CA	CA	TCT	2425
CT	CA	AGG	TC	CT	CA	TAC	CT	AT	TC	AG	GC	CT	AT	TT	TC	CA	CT	ACT	CC	2504
GT	CCCC	TT	AG	CT	GC	CT	AT	TG	AT	CT	CAG	GA	AG	CC	CT	GG	AG	TCC	CT	2583
AA	CCCG	TAC	CCCC	AC	AG	CC	TT	AA	GC	AA	CT	ACT	CT	CT	GT	GA	AG	TAT	TTT	2662
AA	TAA	AT	CT	CT	AT	TAA	AC	CG	CT	TT	GT	AA	CC	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	2730

Fig. 7E

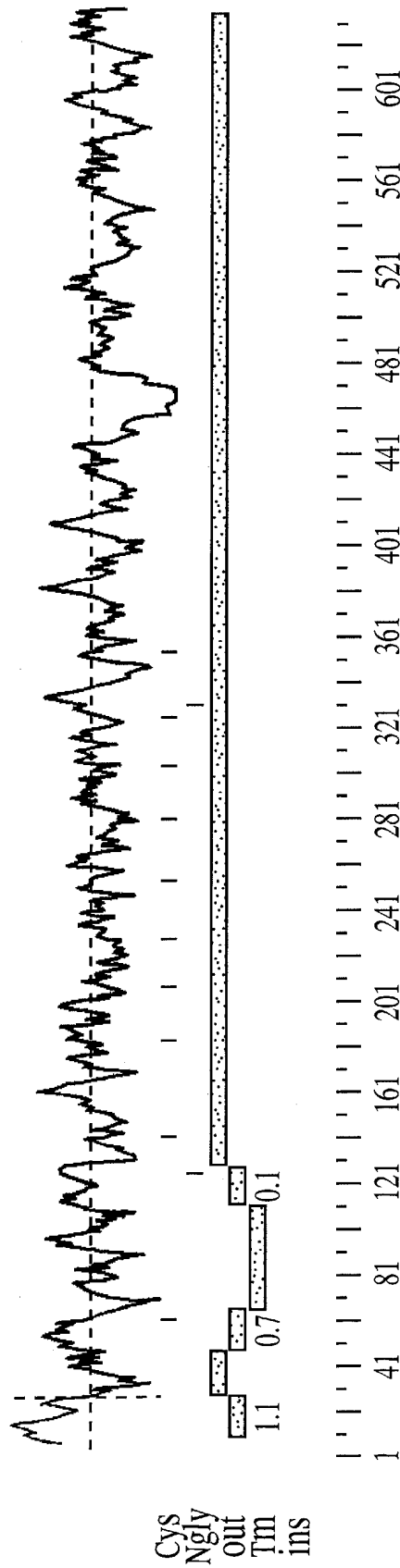


FIG. 7F

Fig. 7G

Fig. 7H

Fig. 7I

Fig. 7J


```

10      20      30      40      50
H  GTCG-ACCCA-CG-----CGTCC-----GTCCTGGGCCCCAGCCTCTCCTCAGGCTCGCGCAGTC
:  :  :::::  ::  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
M  GAGGCTCCCGGCGAGCTGGCGCCCCCTGTCTGGGTCCCGCGCGCCCCGGCC-CTGCTCGCGCCCCGCGCA-TC
10      20      30      40      50      60

60      70      80      90      100      110      120
H  TCCGCCGCGAGTCTCAG-CTGCAGCTGCAGGACTGAGCCCGTGACCCCGAGGAGACCCCCGGAGGAGGCGGA
:  :  :::::  ::  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
M  GC-GCCGCAGTCTCGGTCTGCGGCTGCGGACGTGACGGCGTGCGCGGAGGGGACCTC-----GCAA
70      80      90      100      110      120

130      140      150      160      170      180      190
H  CAAACTTCGCAGTGCCGCGACCCCAACCCAGCCCTGGGTAGCCTGCAGCATGGCCCCAGCTGTTCTCCTGCCCC
:  :  :::::  ::  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
M  -GTTCTTC-----CATC-----AGTG---TGCAGAATGATACCACTGCTTCTGTCC
130      140      150      160      170

200      210      220      230      240      250      260
H  CTGCTGGCAGCCCTGGTCCCTGGCCCCAGGCTCCTGCAGCTTTAGCAGATGTTCTGGAAGGAGACAGCTCAG
:  :  :::::  ::  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
M  CTGCTGGCCGCTCTGGTCCCTGACCCCAAGCCCCCTGCCGCCCTCGCTGATGACCTGAAAGAAGACAGCTCGG
180      190      200      210      220      230      240

270      280      290      300      310      320      330
H  AGGACCGCGCTTTTCGCGTGCGCATCGCGGGCGACGCGCCACTGCAGGGCGTGCTCGCGGCGCCCTCAC
:  :  :::::  ::  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
M  AGGATCGAGCCTTCCGCGTGCGCATCG-GTGC--CGCGCAGCTGCGGGGCGTGCTGGGCGGTGCCCTGGC
250      260      270      280      290      300

```

Fig. 7L

690 700 710 720 730 740 750
H CCTTTCTGGGGCCAGGAGGCCTGTGCCCGCATTTGGAGCCCCACATCGCCACCCGGAGCAGCTCTATGC
::: :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: ::::::::::::::
M CCTTCGCTGGAGCCCCAGGAAGCCTGCGCTCGCATAGGAGCCCCGAATCGCCACCCGGAGCAGCTCTATGC
660 670 680 690 700 710 720
760 770 780 790 800 810 820
H CGCTACCTTGGGGCTATGAGCAATGTGATGCTGGCTGGCTGTCGGATCAGACCCGTGAGGTATCCCAC
::: :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: ::::::::::::::
M TGCCTACCTCGGGCTATGAGCAGTGTGATGCAGGCTGGCTGTCCGACCAAACTGTGAGGTACCCCATC
730 740 750 760 770 780 790
830 840 850 860 870 880 890
H CAGACCCACGAGAGCCTGTTACGGAGACATGGATGGCTTCCCCGGGTCCGGAACCTATGGTGTGGTGG
::: :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: ::::::::::::::
M CAGAACCCACGAGAGCCTGCTCTGAGACATGGATGGCTATCCTGGCGTGCGGAACCTACGGAGTGGTGG
800 810 820 830 840 850 860
900 910 920 930 940 950 960
H ACCCGGATGACCTCTATGATGTGTA CTGTATGCTGAAGACCTAAATGGAGAACTGTTCTGGGTGACCC
· :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: ::::::::::::::
M GTCCCTGATGATCTCTATGATGTCTACTGTATGCCGAAGACCTAAATGGAGAACTGTTCTTAGGGCCCC
870 880 890 900 910 920 930
970 980 990 1000 1010 1020 1030
H TCCAGAGAAGCTGACATTTGGAGGAAGCACGGGCGTACTGCCAGGAGCGGGGTGCAGAGATTGCCACCACG
::: .. :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: ::::::::::::::
M TCCCAGCAAGCTGACATGGGAGGAGGCTCGGGACTACTGTCTGGAACGTGGTGCACAGATCGCTAGCACA
940 950 960 970 980 990 1000

Fig. 7N

```

1040      1050      1060      1070      1080      1090      1100
H  GGCCAACTGTATGCAGCCCTGGGATGGTGGCCCTGGACCACCTGCAGCCAGGGTGGCTAGCTGATGGCAGTG
    ::::::::::::::::::::::::::::::.:: :::::::::::::::::::::::::::::::
M  GGCCAGCTGTACGCAGCCCTGGAATGGTGGCCCTGGACAGATGTAGCCCTGGCTGGCTGGCTGATGGCAGCG
1010      1020      1030      1040      1050      1060      1070

1110      1120      1130      1140      1150      1160      1170
H  TGGGCTACCCCATCGTCACACCCAGCCAGCGCTGTGTGGGGCTTGCCCTGGTGTCAAGACTCTCTTCCT
    ::::::::::::::::::::::::::::::.:: :::::::::::::::::::::::::::::::
M  TGGGCTATCCCATCATCACACCCAGCCAAACGCTGTGGGGCGGCGCTGCCAGAGTCAAGACCCCTCTTCCT
1080      1090      1100      1110      1120      1130      1140

1180      1190      1200      1210      1220      1230      1240
H  CTTCCCCAACCCAGACTGGCTTCCCCCAATAAGCACAGCCGCTTCAACGTCTACTGCTTCCGAGACTCGGCC
    ::::::::::::::::::::::::::::::.:: :::::::::::::::::::::::::::::::
M  CTTTCCCCAACCCAGACTGGCTTCCCCCAGCAAGCAAGAACCGCTTCAATGTCTACTGCTTCCGAGACTCTGCC
1150      1160      1170      1180      1190      1200      1210

1250      1260      1270      1280      1290      1300      1310
H  CAGCCTTCTGCCATCCCCTGAGGCCCTCCAACCCAGCCTCCAACCCAGCCCTCTGATGGACTAGAGGCTATCG
    :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
M  CATCCCTCTGCTTCCCTCTGAGGCCCTCTAGCCCCAGCCTC-----AGATGGACTTGAGGCCATTG
1220      1230      1240      1250      1260      1270

1320      1330      1340      1350      1360      1370      1380
H  TCACAGTGACAGAGACCCCTGGAGGAACTGCAGCTGCCTCAGGAAGCCACAGAGAGTGAATCCCGTGGGGC
    ::::::::::::::::::::::::::::::.:: :::::::::::::::::::::::::::::::
M  TCACAGTGACAGAAAAGCTGGAGGAACTGCAGCTGCCTCAGGAAGCGATGGAGAGCGAGTCTCGTGGGGC
1280      1290      1300      1310      1320      1330      1340

```

Fig. 70

Fig. 7P

Fig. 7Q

Fig. 7R

[illegible]

Fig. 7S

```

2490      2500      2510      2520      2530
H CTTC A-TCCGCCCTGTGTGCC-----GTCC---CCTTTAGCTGC-CTCCT-----ATTGATCTC
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M CCTCAGATTTCCTGTGTACCCCGGAGGCCCTGGCCGTGCTCTGCGCTCCATGGACGCCCCCAGAGGACCAC
2680      2690      2700      2710      2720      2730      2740

2540
H AGGA-AGC-----CTGGGAGTC-CC-TTCTCACC--CCTC-AACCTCCGGAGT-CCAGGAGAAC
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M GGGACAGCTCTCGAGGCACAGGAAGGCCGTTGACACCGCCCTCCAGTCTCTAGGGAGCCTGGAAGAC
2750      2760      2770      2780      2790      2800      2810

2590      2600      2610      2620      2630
H CCGTACCCCCCA-CAGAGCCTTAA-GCAACTACT-----TCT-----GTGAAGTATTT
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M TGCTGCCCCCAGCAGGACCCCTCTCACATCAACTGCCAGTGCTCTTCCCCATGATAGGGGTGACGTGAGA
2820      2830      2840      2850      2860      2870      2880

2640      2650
H ----TTGACTGT--TTCA-----TGAAACA-----
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M GGGTGGGACTGAAATTTCAGAGGACAGCGCTCGAAGGGTTTCTGGGAAACACTTGGGTGGCTCCGCCCCC
2890      2900      2910      2920      2930      2940      2950

2660      2670      2680
H -----AGCCTTGAAAT-----AAATCTCTATTAA-----AC
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M CTCACACAAGGCCCTCAGGTTTACCCGGTAAGTCCCTAAGTGCCTCAACTGCCCTCTCATGTGCTGCTGC
2960      2970      2980      2990      3000      3010      3020

```

Fig. 7T

```

      2690                                2700
H  CGCTTTGT-----AAC-----CAAAAAAAAAAAAA
:  : ::::                                : ::::
M  CTCCTGTCCCTCGATNTCGTNAGGGGACACTGTGCTATTCGATCTTGATTGTCGAAGAGTTTTTAGGAT
3030 3040 3050 3060 3070 3080 3090

      2710                                2730
H  AAA-----AAAAAAAGGGCGG--CC-----GC
:  : ::::                                : ::::
M  GGAGTACCAGCAAAACCAGGTGGAAATAAAGTTGCTGAACCCCAAGAAAAAAA
3100 3110 3120 3130 3140 3150

```

Fig. 7U